

10

ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและเมทริกซ์ส่วนกลับ

ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic relationship) เป็นส่วนสำคัญในการประเมินของค่าการผสมพันธุ์ (breeding value) ของสัตว์ที่ต้องการประเมินพันธุ์กรรมด้วยเทคนิค BLUP ทั้งนี้เนื่องจากในส่วนของประเมินอิทธิพลสุ่มในสมการโมเดลผสมของ Henderson (HMME) โดยเฉพาะในส่วนการประเมินอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมจะมีการปรับ (adjust) ด้วยส่วนกลับของความแปรปรวนร่วม (genetic covariance) ระหว่างสัตว์ในพันธุ์ประวัติ ซึ่งโดยทั่วไปความแปรปรวนร่วมระหว่างสัตว์ในพันธุ์ประวัติมีค่าเท่ากับ $A\sigma_a^2$ ดังนั้นการประเมินพันธุ์สัตว์จึงต้องการส่วนกลับของ numerator relationship (A^{-1}) หรือส่วนกลับของสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรม การที่ Henderson (1976) ค้นพบวิธีลดในการหาส่วนกลับของ numerator additive relationship ทำให้การประเมินค่าการผสมพันธุ์ในสัตว์ทำได้สะดวกขึ้น และหลังจากที่ Hoeschele and Van Raden (1991) ค้นพบวิธีลดในการหาส่วนกลับของ parental subclass relationship ทำให้การประเมินค่า non-additive genetic effects ได้รับความสนใจมากขึ้นเช่นกัน

เนื้อหาสังเขป

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม : : การวิเคราะห์ส่วนกลับของเมทริกซ์ความสัมพันธ์ทางสายเลือด : : การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเนื่องจากจากอิทธิพลแบบข้ามกันของยีน : : การวิเคราะห์ส่วนกลับของเมทริกซ์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลแบบข้ามกันของยีน

I. การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

- Covariance between relatives
- Causal components

เนื่องจากความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมระหว่างสัตว์นั้นขึ้นกับความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ ซึ่งหากเขียนเป็นสูตรทางคณิตศาสตร์ตาม Cockerham (1954) จะได้ว่า

$$\sigma_{G_{xy}} = \sum_i \sum_j (a_{xy})^i (d_{xy})^j \sigma_{ij}^2$$

เมื่อ $\sigma_{G_{xy}}$ เป็น genetic covariance ระหว่างสัตว์ x และ y , a_{xy} เป็นค่าสัมประสิทธิ์ additive genetic relationship ระหว่าง x และ y ; d_{xy} เป็นค่าสัมประสิทธิ์ dominance genetic relationship ระหว่างสัตว์ x และ y ; i และ j สัมพันธ์กับ additive และ dominance effect ตามลำดับ โดยกำหนดเป็น polynomial degree เริ่มจาก 0 ดังนั้น $\sigma_{10}^2 = \sigma_a^2$, $\sigma_{01}^2 = \sigma_d^2$, $\sigma_{11}^2 = \sigma_{ad}^2$, $\sigma_{20}^2 = \sigma_{aa}^2$, $\sigma_{02}^2 = \sigma_{dd}^2$, $\sigma_{21}^2 = \sigma_{aad}^2$, $\sigma_{12}^2 = \sigma_{add}^2$, $\sigma_{22}^2 = \sigma_{aadd}^2$, ... เป็นต้น เมื่อ $\sigma_a^2 =$ additive variance, $\sigma_d^2 =$ dominance variance, $\sigma_{aa}^2, \dots, \sigma_{aadd}^2, \dots$ เป็น epistatic variance

จากสูตรข้างต้น Falconer and Mackay (1996) เรียก LHS (left hand side) ของสมการว่า covariance between relatives และเรียก RHS (right hand side) ว่า causal components ซึ่งจะได้ว่าค่า สัมประสิทธิ์ของแต่ละ casual component จะมีค่าดังนี้

	σ_a^2	σ_d^2	σ_{ad}^2	σ_{aa}^2	σ_{dd}^2	σ_{aad}^2	σ_{add}^2	σ_{aadd}^2	...
Cov(XY)	a	d	ad	a^2	d^2	a^2d	ad^2	a^2d^2	

จากการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธี BLUP สำหรับตัวแบบที่มีอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมแบบบวกสะสม (additive gene effect) ทั้งส่วนที่ถ่ายทอดโดยตรง (direct effect) และผ่านทางแม่ (maternal effect) จำเป็นต้องใช้ค่าของ genetic variance-covariance (G) ในการประเมิน ซึ่งค่าของ G นั้นคำนวณได้จาก $A\sigma_a^2$ เมื่อ A เป็น additive genetic relationship ระหว่างสัตว์ทั้งหมดในพันธุ์ประวัติ หากวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ด้วยวิธีของ Wright ซึ่งมองค่าความสัมพันธ์ในรูปของค่าสหสัมพันธ์ จะได้ว่า

$$R_{XY} = \frac{Cov(XY)}{\sqrt{V(X)V(Y)}} = \frac{a_{xy}\sigma_a^2}{\sqrt{(a_{xx}\sigma_a^2)(a_{yy}\sigma_a^2)}} = \frac{a_{xy}}{\sqrt{a_{xx}a_{yy}}}$$

▪ Numerator relationship

ส่วนของเมทริกซ์ความสัมพันธ์ของสัตว์ (A) ที่ต้องการในการประเมินด้วย BLUP ได้แก่ส่วนของ a_{xy} ซึ่งเป็นส่วนของตัวเศษ (numerator) ของสมการ ดังนั้นค่าสัมประสิทธิ์ของ additive genetic relationship จึงนิยมเรียกสั้นๆว่า numerator relationship

การประเมินพันธุ์สัตว์จำนวนมาก พันธุ์ประวัติที่ใช้จะมีขนาดใหญ่และมีความสัมพันธ์ที่ซับซ้อนทำให้การคำนวณ numerator relationship (A) มีความยุ่งยากตามไปด้วย ดังนั้นการหาวิธีการคำนวณความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ที่ถูกต้องและรวดเร็ว จึงเป็นส่วนสำคัญในการประเมินพันธุ์กรรมด้วย BLUP อย่างไรก็ตามการหาความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ในปัจจุบันนั้นมีหลายวิธี โดยจะได้กล่าวถึงวิธีที่นิยมดังนี้

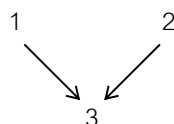
1.1 การวิเคราะห์เส้นทาง (Path analysis)

- Path analysis
- Arrow diagram

เป็นวิธีการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ โดยใช้วิธีการวิเคราะห์เส้นทาง (path analysis) ทั้งหมดที่เป็นไปได้ในการถ่ายทอดพันธุกรรมจากบรรพบุรุษร่วมสู่สัตว์สองตัวที่ต้องการหาความสัมพันธ์ วิธีนี้มีข้อดีที่สามารถเลือกวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์เพียงบางคู่ที่สนใจได้ แต่อย่างไรก็ตามต้องมีการสร้างแผนภาพลูกศร (arrow diagram) ระหว่างตัวสัตว์ทั้งหมดเสียก่อน ดังนั้นวิธีนี้จึงนิยมใช้ในกรณีที่มีจำนวนสัตว์ในพันธุ์ประวัติไม่มาก เนื่องจากหากมีจำนวนสัตว์มากขึ้นและสัตว์มีความสัมพันธ์กันมากจะทำให้การวิเคราะห์เส้นทางซับซ้อนขึ้นและมีโอกาสวิเคราะห์เส้นทางผิดพลาดได้ นอกจากนี้การมีสัตว์มากจะต้องใช้เวลามากขึ้นในการวิเคราะห์เส้นทางของสัตว์แต่ละคู่จนครบทุกคู่ (all possible pairs) เพื่อให้ในสมการ HMME ทำให้วิธีนี้ไม่นิยมในการประเมินพันธุ์กรรมจริง รายละเอียดในการวิเคราะห์มีดังนี้

1) สร้างแผนภาพลูกศร (arrow diagram) จากพันธุ์ประวัติ

การสร้างแผนภาพให้กำหนดว่าสัตว์แต่ละตัวเกิดจากการผสมระหว่างพ่อและแม่ ดังนั้นจะมีลูกศรการถ่ายทอดพันธุกรรมจากพ่อและแม่อย่างละเส้นเข้าสู่ลูก ตัวอย่างเช่น ถ้าสัตว์ 3 เป็นลูกของ 1 และ 2 จะเขียน arrow diagram ได้ดังนี้



- Numerator relationship formula

2) คำนวณ numerator relationship (a_{xy}) ระหว่างสัตว์แต่ละคู่ จากสูตร

$$a_{xy} = \sum_i \left(\frac{1}{2} \right)^n (1 + F_c)$$

เมื่อ a_{xy} เป็น numerator relationship ระหว่างสัตว์ x และ y , i เป็นจำนวนเส้นทาง (path) จาก x ถึง y , n เป็นจำนวนลูกศร (arrow) ในแต่ละเส้นทาง, และ F_c เป็นค่าอัตราเลือดชิดของบรรพบุรุษร่วม โดยการวิเคราะห์เส้นทางมีหลักการดังนี้

- เส้นทางที่ x และ y เชื่อมถึงกันต้องเป็นเส้นทางที่เชื่อมโยงผ่านขึ้นไปยังบรรพบุรุษ และจะไม่ใช้เส้นทางที่ x และ y เชื่อมถึงกันผ่านทางลูก (เนื่องจากพันธุกรรมต้องถูกถ่ายทอดผ่านลงมาจากทางบรรพบุรุษ)
- ในแต่ละเส้นทางจะมีบรรพบุรุษร่วม (common ancestor) ได้เพียงตัวเดียว โดยบรรพบุรุษร่วมหมายถึงสัตว์ที่มีโอกาสในการถ่ายทอดพันธุกรรมมาสู่ทั้ง x และ y ดังนั้นสัตว์ที่เป็นบรรพบุรุษร่วมของเส้นทางจะมีลูกศรพุ่งออกจากตัวเอง 2 เส้น (ยกเว้นกรณีที่ x เป็นบรรพบุรุษของ y หรือ y เป็นบรรพบุรุษของ x ซึ่งจะมีลูกศรพุ่งออกจากตัวเองเพียงเส้นเดียว)
- ค่าอัตราเลือดชิด (inbreeding coefficient, F_x) ของสัตว์ x คำนวณได้จากครึ่งหนึ่งของความสัมพันธ์ระหว่างพ่อและแม่ ดังนั้น

$$F_x = \frac{1}{2} a_{sd}$$

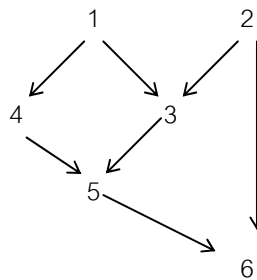
▪ Inbreeding coefficient

▪ Example 10.1

- จากพันธุ์ประวัติที่กำหนดให้ จงคำนวณ numerator relationship ด้วยวิธี path analysis

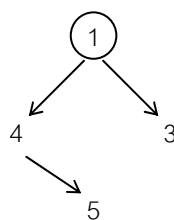
ID	sire	dam
1	-	-
2	-	-
3	1	2
4	1	-
5	4	3
6	5	2

- 1) สร้างแผนภาพลูกศร (arrow diagram) จากพันธุ์ประวัติ

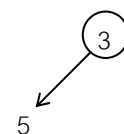


- 2) คำนวณ numerator relationship ระหว่างสัตว์แต่ละคู่ สมมุติต้องการคำนวณค่าดังกล่าวระหว่างสัตว์ 3 และ 5 (a_{35})

- a) วิเคราะห์เส้นทางจาก 3 ถึง 5 ซึ่งพบว่า มี 2 เส้นทาง ได้แก่



path 1 ($n = 3, F_1 = 0$)



path 2 ($n = 1, F_3 = 0$)

b) คำนวณ relationship จากสูตรที่กำหนด

$$\begin{aligned}
 a_{35} &= \left(\frac{1}{2}\right)^3 (1 + F_1) + \left(\frac{1}{2}\right)^1 (1 + F_3) \\
 &= \left(\frac{1}{2}\right)^3 + \left(\frac{1}{2}\right)^1 \\
 &= \frac{1}{8} + \frac{1}{2} \\
 &= \frac{5}{8} \\
 &= 0.625
 \end{aligned}$$

3) เมื่อวิเคราะห์ relationship ครบทุกคู่ จะได้ผลลัพธ์ดังนี้

	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0.000	0.500	0.500	0.500	0.250
2	0.000	1.000	0.500	0.000	0.250	0.625
3	0.500	0.500	1.000	0.250	0.625	0.563
4	0.500	0.000	0.250	1.000	0.625	0.313
5	0.500	0.250	0.625	0.625	1.125	0.688
6	0.250	0.625	0.563	0.313	0.688	1.125

1.2 การวิเคราะห์จากตารางสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนร่วม (Tabular method)

▪ Tabular method

วิธีนี้เป็นวิธีพื้นฐานที่ผู้ที่สนใจทางปรับปรุงพันธุ์ทุกคนควรทราบ จัดว่าเป็นวิธีที่ค่อนข้างสะดวก สามารถใช้ในกรณีที่มีจำนวนสัตว์มาก ๆ ได้โดยทราบแค่พันธุ์ประวัติ ไม่จำเป็นต้องสร้างแผนภาพลูกศร แต่วิธีนี้จะใช้การวิเคราะห์ค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนร่วมระหว่างสัตว์ทั้งหมดในตารางจนสมบูรณ์ รายละเอียดในการวิเคราะห์มีดังนี้

- 1) สร้างตาราง $n \times n$ เมื่อ n เป็นจำนวนสัตว์ทั้งหมดในพันธุ์ประวัติ ระบุหมายเลขตามแถวและคอลัมน์ โดยเรียงลำดับตามการเกิดของสัตว์ ใส่ค่า 1 ลงในแนวทแยงของตาราง เนื่องจากเป็นความแปรปรวนของตัวเอง
- 2) ระบุสัตว์ที่เป็นพ่อและแม่ของสัตว์จากพันธุ์ประวัติที่ทราบบนหัวตาราง
- 3) คำนวณความสัมพันธ์ของสัตว์แต่ละคู่ โดยเรียงลำดับหมายเลขสัตว์ที่ละแถว (i) จากบนลงล่าง จากนั้นในแต่ละแถวให้ทำการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ไปที่ละคอลัมน์จากซ้ายไปขวา ด้วยสูตร $a_{ij} = \frac{1}{2} a_{i,s(j)} + \frac{1}{2} a_{i,d(j)}$ เมื่อ $a_{i,s(j)}$ เป็นความสัมพันธ์ของ i กับพ่อของ j และ $a_{i,d(j)}$ เป็นความสัมพันธ์ของ i กับแม่ของ j

4) ในส่วนแนวทแยงของตารางให้เพิ่มค่า inbreeding coefficient โดยใช้สูตร

$$F_i = \frac{1}{2} a_{sd} \text{ เมื่อ } i \text{ เป็นสัตว์ในแนวทแยง และ } s \text{ กับ } d \text{ เป็นพ่อแม่ของ } i$$

5) เติมค่า a_{ij} ที่วิเคราะห์ได้ใน 3 ให้กับอีกด้านหนึ่งของตารางในลักษณะสมมาตร (symmetric)

6) ทำซ้ำข้อ 3-5 จนได้ตารางที่สมบูรณ์

Example 10.2

- จากพันธุ์ประวัติในตัวอย่างที่ 10.1 จงคำนวณ numerator relationship ด้วย tabular method

1) สร้างตาราง $n \times n$ และเติมค่า 1.000 ในแนวทแยงเช่นเดียวกับตัวอย่าง 10.1

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000					
2		1.000				
3			1.000			
4				1.000		
5					1.000	
6						1.000

2) เริ่มวิเคราะห์แถวที่ 1

a) คอลัมน์ 2 (สัตว์เบอร์ 2 ไม่รู้พ่อแม่)

$$a_{12} = \frac{1}{2} [Col(0) + Col(0)] = \frac{1}{2} [0 + 0] = 0$$

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0.000				
2		1.000				
3			1.000			
4				1.000		
5					1.000	
6						1.000

b) คอลัมน์ 3 (สัตว์เบอร์ 3 เป็นลูกของ 1 และ 2)

$$a_{13} = \frac{1}{2} [Col(1) + Col(2)] = \frac{1}{2} [1 + 0] = 0.5$$

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0.000	<u>0.500</u>			
2		1.000				
3			1.000			
4				1.000		
5					1.000	
6						1.000

c) คอลัมน์ 4 (สัตว์เบอร์ 4 เป็นลูกของ 1 และ ไม่รู้เบอร์)

$$a_{14} = \frac{1}{2} [Col(1) + Col(0)] = \frac{1}{2} [1 + 0] = 0.5$$

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0.000	0.500	<u>0.500</u>		
2		1.000				
3			1.000			
4				1.000		
5					1.000	
6						1.000

d) คอลัมน์ 5 (สัตว์เบอร์ 5 เป็นลูกของ 4 และ 3)

$$a_{15} = \frac{1}{2} [Col(4) + Col(3)] = \frac{1}{2} [0.5 + 0.5] = 0.5$$

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0.000	0.500	0.500	<u>0.500</u>	
2		1.000				
3			1.000			
4				1.000		
5					1.000	
6						1.000

e) คอลัมน์ 6 (สัตว์เบอร์ 6 เป็นลูกของ 5 และ 2)

$$a_{16} = \frac{1}{2} [Col(5) + Col(2)] = \frac{1}{2} [0.5 + 0] = 0.25$$

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0.000	0.500	0.500	0.500	<u>0.250</u>
2		1.000				
3			1.000			
4				1.000		
5					1.000	
6						1.000

f) คำนวณ inbreeding ของสัตว์หมายเลข 1 เพื่อเพิ่มให้กับค่าในแนวทะแยง

$$F_1 = \frac{1}{2} a_{00} = 0$$

g) เติมค่าสมมาตรให้กับตาราง

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0.000	0.500	0.500	0.500	0.250
2	<u>0.000</u>	1.000				
3	<u>0.500</u>		1.000			
4	<u>0.500</u>			1.000		
5	<u>0.500</u>				1.000	
6	<u>0.250</u>					1.000

4) เมื่อวิเคราะห์แถวที่ 2-6 ด้วยหลักการเดียวกัน จะได้ผลลัพธ์ตรงกับในตัวอย่าง 10.1

	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0.000	0.500	0.500	0.500	0.250
2	0.000	1.000	0.500	0.000	0.250	0.625
3	0.500	0.500	1.000	0.250	0.625	0.563
4	0.500	0.000	0.250	1.000	0.625	0.313
5	0.500	0.250	0.625	0.625	1.125	0.688
6	0.250	0.625	0.563	0.313	0.688	1.125

1.3 การวิเคราะห์ด้วยวิธี Recursive method

Recursive method

วิธีนี้เป็นการวิเคราะห์สัมประสิทธิ์ความแปรปรวนร่วมในแบบ tabular ที่สะดวกขึ้น โดยใช้หลักการของเรียกคำนวณซ้ำ (recursive) รายละเอียดในการวิเคราะห์มีดังนี้

- 1) สร้างตาราง $n \times n$ ที่มีการระบุการเป็นพ่อแม่เช่นเดียวกับวิธี tabular แบบปกติ
- 2) ในการคำนวณเรียงลำดับที่ไล่จากบนลงล่าง ในการวิเคราะห์ให้เริ่มวิเคราะห์จากการเพิ่มค่า inbreeding ให้กับสัตว์ในแนวทะแยงของตารางก่อนด้วยสูตร $a_i = 1 + F_i$ เมื่อ $F_i = \frac{1}{2} a_{sd}$ เมื่อ i เป็นสัตว์ในแนวทะแยง และ s กับ d เป็นพ่อแม่ของ i
- 3) จากนั้นการวิเคราะห์ค่าความสัมพันธ์ด้วยสูตร $a_{Row(i)} = \frac{a_{Row(s)} + a_{Row(d)}}{2}$ จะใช้การรวมรวมค่า a ที่อยู่ในแถวที่เป็นเบอร์พ่อและแถวที่เป็นเบอร์แม่แล้วหารด้วย 2 (โดยคิดเฉพาะที่อยู่ในส่วน lower diagonal)
- 4) เติมค่า a ที่สมมาตร (symmetric) ให้กับอีกด้านหนึ่งของตาราง
- 5) ทำซ้ำข้อ 3-5 จนได้ตารางสมบูรณ์

Example 10.3

- จากพันธุ์ประวัติในตัวอย่างที่ 10.1 จงคำนวณ numerator relationship ด้วย recursive method

- 1) สร้างตาราง $n \times n$ เช่นเดียวกับตัวอย่าง 10.1

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1						
2						
3						
4						
5						
6						

- 2) เริ่มวิเคราะห์แถวที่ 1 (สัตว์เบอร์ 1 ไม่รู้พ่อ-แม่)

- a) แนวทะแยง (1)

$$a_{11} = 1 + F_1 = 1 + \frac{1}{2} a_{00} = 1 + 0 = 1$$

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	<u>1.000</u>					
2						
3						
4						
5						
6						

3) แถวที่ 2 (สัตว์โบร์ 2 ไม่รู้พ่อ-แม่)

a) แนวทะแยง (2)

$$a_{22} = 1 + F_2 = 1 + \frac{1}{2} a_{00} = 1 + 0 = 1$$

b) นอกแนวทะแยง

$$a_{21} = \frac{1}{2} [Row(0) + Row(0)] = \frac{1}{2} [0 + 0] = 0$$

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000					
2	<u>0.000</u>	<u>1.000</u>				
3						
4						
5						
6						

c) เติมค่าสมมาตรให้กับตาราง

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000	<u>0.000</u>				
2	0.000	1.000				
3						
4						
5						
6						

4) แถวที่ 3 (สัตว์เบอร์ 3 มีพ่อเบอร์ 1 และ แม่เบอร์ 2)

a) แนวทะแยง (3)

$$a_{33} = 1 + F_3 = 1 + \frac{1}{2} a_{12} = 1 + 0 = 1$$

b) นอกแนวทะแยง

$$\begin{aligned} [a_{31} \quad a_{32}] &= \frac{1}{2} \{Row(1) + Row(2)\} \\ &= \frac{1}{2} \{[1 \quad 0] + [0 \quad 1]\} \\ &= [0.5 \quad 0.5] \end{aligned}$$

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0.000				
2	0.000	1.000				
3	<u>0.500</u>	<u>0.500</u>	<u>1.000</u>			
4						
5						
6						

c) เติมค่าสมมาตรให้กับตาราง

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0.000	<u>0.500</u>			
2	0.000	1.000	<u>0.500</u>			
3	0.500	0.500	1.000			
4						
5						
6						

5) แถวที่ 4 (สัตว์เบอร์ 4 มีพ่อเบอร์ 1 และ ไม่ทราบเบอร์แม่)

a) แนวทะแยง (4)

$$a_{44} = 1 + F_4 = 1 + \frac{1}{2} a_{10} = 1 + 0 = 1$$

b) นอกแนวทะแยง

$$\begin{aligned} [a_{41} \quad a_{42} \quad a_{43}] &= \frac{1}{2} \{Row(1) + Row(0)\} \\ &= \frac{1}{2} \{[1 \quad 1 \quad 0.5] + [0 \quad 0 \quad 0]\} \\ &= [0.5 \quad 0.5 \quad 0.25] \end{aligned}$$

	-,- 1	-,- 2	1,2 3	1,- 4	4,3 5	5,2 6
1	1.000	0.000	0.500			
2	0.000	1.000	0.500			
3	0.500	0.500	1.000			
4	<u>0.500</u>	<u>0.000</u>	<u>0.250</u>	<u>1.000</u>		
5						
6						

c) เดิมค่าสมมาตรให้กับตาราง

	-,- 1	-,- 2	1,2 3	1,- 4	4,3 5	5,2 6
1	1.000	0.000	0.500	<u>0.500</u>		
2	0.000	1.000	0.500	<u>0.000</u>		
3	0.500	0.500	1.000	<u>0.250</u>		
4	0.500	0.000	0.250	1.000		
5						
6						

6) เมื่อวิเคราะห์แถวที่ 5-6 ด้วยหลักการเดียวกัน จะได้ผลลัพธ์ตรงกับในตัวอย่าง 10.1

	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0.000	0.500	0.500	0.500	0.250
2	0.000	1.000	0.500	0.000	0.250	0.625
3	0.500	0.500	1.000	0.250	0.625	0.563
4	0.500	0.000	0.250	1.000	0.625	0.313
5	0.500	0.250	0.625	0.625	1.125	0.688
6	0.250	0.625	0.563	0.313	0.688	1.125

1.4 การวิเคราะห์ด้วย Decomposition method

▪ Decomposition method

Henderson (1976) ใช้หลักการ decomposition ของเมทริกซ์จัตุรัสให้อยู่ในรูปของ $A = TDT'$ เมื่อ A เป็นเมทริกซ์ numerator relationship, T เป็นเมทริกซ์ lower triangular ที่แสดงการถ่ายทอดยีนจากบรรพบุรุษ, และ D เป็นเมทริกซ์ diagonal ของ mendelian sampling โดยมีหลักการคร่าวๆดังนี้

- 1) คำนวณเมทริกซ์ T โดยวิเคราะห์การถ่ายทอดของยีนจากบรรพบุรุษสู่ตัวสัตว์ ในการคำนวณ ให้เรียงลำดับที่ละแถวจากบนลงล่าง จากนั้นการวิเคราะห์ค่าความสัมพันธ์ด้วยสูตร $t_i = \frac{t_s + t_d}{2}$ จะใช้การรวมรวมค่า t ที่อยู่ในแถวที่เป็นเบอร์พ่อและแถวที่เป็นเบอร์แม่แล้วหารด้วย 2 (โดยคิดเฉพาะที่อยู่ในส่วน lower diagonal)
- 2) คำนวณเมทริกซ์ D โดยมีหลักการดังนี้

ด้วยวิธีการของ Quaas (1976) หากกำหนดให้ F_s และ F_d เป็นค่าอัตราเลือดชิดของ sire และ dam ตามลำดับ ค่า d_i คำนวณได้จาก $1 + F_i$ ดังนั้นจะมีได้ 3 กรณี ได้แก่

- a) $d_i = 1$ เมื่อไม่รู้เบอร์พ่อและแม่
- b) $d_i = 1 - \frac{1}{4}(1 + F_s)$ เมื่อรู้แต่เบอร์พ่อ
- $d_i = 1 - \frac{1}{4}(1 + F_d)$ เมื่อรู้แต่เบอร์แม่
- c) $d_i = 1 - \frac{1}{4}(1 + F_s) - \frac{1}{4}(1 + F_d)$ เมื่อรู้ทั้งเบอร์พ่อและแม่

สังเกตว่าหากไม่สนใจค่าอัตราเลือดชิด (ignore inbreeding) ค่า d_i จะมีอยู่เพียง 3 ค่า ได้แก่

- a) $d_i = 1$ เมื่อไม่รู้เบอร์พ่อและแม่
- b) $d_i = \frac{3}{4}$ เมื่อรู้แต่เบอร์พ่อ หรือเบอร์แม่
- c) $d_i = \frac{1}{2}$ เมื่อรู้ทั้งเบอร์พ่อและแม่

- 3) จากนั้นสร้างเมทริกซ์ numerator relationship ที่สมมาตร จากสูตร $A = TDT'$

Example 10.4

- จากพันธุ์ประวัติในตัวอย่างที่ 10.1 จงคำนวณ numerator relationship ด้วย decomposition method

- 1) สร้างเมทริกซ์ T โดยสร้าง $n \times n$ ที่มี 1 อยู่ในทะแยงและ 0 อยู่ในส่วน upper diagonal

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0	0	0	0	0
2		1.000	0	0	0	0
3			1.000	0	0	0
4				1.000	0	0
5					1.000	0
6						1.000

1.1 เริ่มแถวที่ 2 (สัตว์เบอร์ 2 ไม่รู้พ่อ-แม่)

a) นอกแนวทะแยง

$$t_{21} = \frac{1}{2} [Row(0) + Row(0)] = \frac{1}{2} [0 + 0] = 0$$

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0	0	0	0	0
2	<u>0.000</u>	1.000	0	0	0	0
3			1.000	0	0	0
4				1.000	0	0
5					1.000	0
6						1.000

1.2 แถวที่ 3 (สัตว์เบอร์ 3 มีพ่อเบอร์ 1 และ แม่เบอร์ 2)

a) นอกแนวทะแยง

$$\begin{aligned}
 [t_{31} \quad t_{32}] &= \frac{1}{2} \{Row(1) + Row(2)\} \\
 &= \frac{1}{2} \{[1 \quad 0] + [0 \quad 1]\} \\
 &= [0.5 \quad 0.5]
 \end{aligned}$$

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0	0	0	0	0
2	0.000	1.000	0	0	0	0
3	<u>0.500</u>	<u>0.500</u>	1.000	0	0	0
4				1.000	0	0
5					1.000	0
6						1.000

1.3 แถวที่ 4 (สัตว์เบอร์ 4 มีพ่อเบอร์ 1 และ ไม่ทราบเบอร์แม่)

a) นอกแนวทะแยง

$$\begin{aligned}
 [t_{41} \quad t_{42} \quad t_{43}] &= \frac{1}{2} \{Row(1) + Row(0)\} \\
 &= \frac{1}{2} \{[1 \quad 0 \quad 0] + [0 \quad 0 \quad 0]\} \\
 &= [0.5 \quad 0 \quad 0]
 \end{aligned}$$

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0	0	0	0	0
2	0.000	1.000	0	0	0	0
3	0.500	0.500	1.000	0	0	0
4	<u>0.500</u>	<u>0.000</u>	<u>0.000</u>	1.000	0	0
5					1.000	0
6						1.000

1.4 แถวที่ 5 (สัตว์เบอร์ 5 มีพ่อเบอร์ 4 และแม่เบอร์ 3)

a) นอกแนวทะแยง

$$\begin{aligned}
 [t_{51} \quad t_{52} \quad t_{53} \quad t_{54}] &= \frac{1}{2} \{ \text{Row}(4) + \text{Row}(3) \} \\
 &= \frac{1}{2} \{ [0.5 \quad 0 \quad 0 \quad 1] + [0.5 \quad 0.5 \quad 1 \quad 0] \} \\
 &= [0.5 \quad 0.25 \quad 0.5 \quad 0.5]
 \end{aligned}$$

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0	0	0	0	0
2	0.000	1.000	0	0	0	0
3	0.500	0.500	1.000	0	0	0
4	0.500	0.000	0.000	1.000	0	0
5	<u>0.500</u>	<u>0.250</u>	<u>0.500</u>	<u>0.500</u>	1.000	0
6						1.000

1.5 แถวที่ 6 (สัตว์เบอร์ 6 มีพ่อเบอร์ 5 และแม่เบอร์ 2)

a) นอกแนวทะแยง

$$\begin{aligned}
 [t_{61} \quad t_{62} \quad t_{63} \quad t_{64} \quad t_{65}] &= \frac{1}{2} \{ \text{Row}(5) + \text{Row}(2) \} \\
 &= \frac{1}{2} \{ [0.5 \quad 0.25 \quad 0.5 \quad 0.5 \quad 1] + [0 \quad 1 \quad 0 \quad 0 \quad 0] \} \\
 &= [0.25 \quad 0.625 \quad 0.25 \quad 0.25 \quad 0.5]
 \end{aligned}$$

เมื่อเติมแถวสุดท้ายลงในตาราง จะได้เมทริกซ์ T ดังนี้

	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0	0	0	0	0
2	0.000	1.000	0	0	0	0
3	0.500	0.500	1.000	0	0	0
4	0.500	0.000	0.000	1.000	0	0
5	0.500	0.250	0.500	0.500	1.000	0
6	0.250	0.625	0.250	0.250	0.500	1.000

- 2) สร้างเมทริกซ์ D โดยสร้าง $n \times n$ ที่มีค่า d_i อยู่ในแนวทแยงและ 0 อยู่ในส่วน off-diagonal โดย

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	d_6	0	0	0	0	0
2	0	d_2	0	0	0	0
3	0	0	d_3	0	0	0
4	0	0	0	d_4	0	0
5	0	0	0	0	d_5	0
6	0	0	0	0	0	d_6

- a) เริ่มแถวที่ 1 (สัตว์เบอร์ 1 ไม่รู้พ่อ-แม่)

$$d_1 = 1$$

- b) แถวที่ 2 (สัตว์เบอร์ 2 ไม่รู้พ่อ-แม่)

$$d_2 = 1$$

- c) แถวที่ 3 (สัตว์เบอร์ 3 มีพ่อเบอร์ 1 และ แม่เบอร์ 2)

$$\begin{aligned} d_3 &= 1 - \frac{1}{4}(1 + F_1) - \frac{1}{4}(1 + F_2) \\ &= 1 - \frac{1}{4}(1 + 0) - \frac{1}{4}(1 + 0) \\ &= 0.5 \end{aligned}$$

- d) แถวที่ 4 (สัตว์เบอร์ 4 มีพ่อเบอร์ 1 และ ไม่ทราบเบอร์แม่)

$$\begin{aligned} d_4 &= 1 - \frac{1}{4}(1 + F_1) \\ &= 1 - \frac{1}{4}(1 + 0) \\ &= 0.75 \end{aligned}$$

e) แถวที่ 5 (สัตว์เบอร์ 5 มีพ่อเบอร์ 4 และแม่เบอร์ 3)

$$\begin{aligned} d_5 &= 1 - \frac{1}{4}(1 + F_4) - \frac{1}{4}(1 + F_3) \\ &= 1 - \frac{1}{4}(1 + 0) - \frac{1}{4}(1 + 0) \\ &= 0.5 \end{aligned}$$

f) แถวที่ 6 (สัตว์เบอร์ 6 มีพ่อเบอร์ 5 และแม่เบอร์ 2)

$$\begin{aligned} d_6 &= 1 - \frac{1}{4}(1 + F_5) - \frac{1}{4}(1 + F_2) \\ &= 1 - \frac{1}{4}(1 + 0.125) - \frac{1}{4}(1 + 0) \\ &= 0.469 \end{aligned}$$

เมื่อเติมลงในตาราง จะได้ว่า

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0	0	0	0	0
2	0	1.000	0	0	0	0
3	0	0	0.500	0	0	0
4	0	0	0	0.750	0	0
5	0	0	0	0	0.500	0
6	0	0	0	0	0	0.469

3) จากนั้นสร้างเมทริกซ์ numerator relationship ที่สมบูรณ์ จากสูตร $A = TDT'$

$$A = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0.5 & 0.5 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0.5 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0.5 & 0.25 & 0.5 & 0.5 & 1 & 0 \\ 0.25 & 0.625 & 0.25 & 0.25 & 0.5 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0.5 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0.75 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0.5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0.469 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0.5 & 0.5 & 0.5 & 0.25 \\ 0 & 1 & 0.5 & 0 & 0.25 & 0.625 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0.5 & 0.25 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0.5 & 0.25 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0.5 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

ซึ่งจะได้ผลลัพธ์ตรงกับในตัวอย่าง 6.1 ดังนี้

	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0.000	0.500	0.500	0.500	0.250
2	0.000	1.000	0.500	0.000	0.250	0.625
3	0.500	0.500	1.000	0.250	0.625	0.563
4	0.500	0.000	0.250	1.000	0.625	0.313
5	0.500	0.250	0.625	0.625	1.125	0.688
6	0.250	0.625	0.563	0.313	0.688	1.125

II. การวิเคราะห์ส่วนกลับของเมทริกซ์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

▪ Inversion of relationship matrix

เนื่องจากส่วนกลับของเมทริกซ์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์ (A^{-1}) เป็นส่วนที่ต้องการในการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ด้วย BLUP ดังนั้นหากสามารถทำการวิเคราะห์ค่าเหล่านี้ได้โดยตรงโดยไม่ต้องหาเมทริกซ์ A ก่อนแล้วจึงหาค่า inversion ที่หลัง ก็จะช่วยประหยัดเวลาและลดขั้นตอนในการคำนวณเป็นอย่างมาก

2.1 การวิเคราะห์ด้วย Decomposition method

▪ Decomposition method

Henderson (1976) เสนอแนวทางในการคำนวณค่า A^{-1} โดยตรงจากพันธุ์ประวัติ โดยอาศัยพื้นฐานมาจากการ decomposition ของเมทริกซ์ในรูป $A = TDT'$ โดยพบว่า $A^{-1} = (T^{-1})'D^{-1}T^{-1}$ ดังนั้นสิ่งที่ต้องการในการคำนวณค่าเมทริกซ์ผกผันของ numerator relationship matrix ได้แก่เมทริกซ์ T^{-1} และ D^{-1} โดย

▪ Example 10.5

- จากพันธุ์ประวัติในตัวอย่างที่ 10.1 จงคำนวณค่าส่วนกลับของ numerator relationship โดยใช้ decomposition method

1) คำนวณค่า D^{-1}

จากตัวอย่างที่ 10.4 เมทริกซ์ D มีค่าเท่ากับ

	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0	0	0	0	0
2	0	1.000	0	0	0	0
3	0	0	0.500	0	0	0
4	0	0	0	0.750	0	0
5	0	0	0	0	0.500	0
6	0	0	0	0	0	0.469

เนื่องจาก D^{-1} คำนวณได้โดยแปลงค่า d_i ในแนวทแยงของเมทริกซ์ D ให้เป็นค่า $\frac{1}{d_i}$ ดังนั้นจะได้ว่า D^{-1} มีค่าเป็น

	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0	0	0	0	0
2	0	1.000	0	0	0	0
3	0	0	2.000	0	0	0
4	0	0	0	1.333	0	0
5	0	0	0	0	2.000	0
6	0	0	0	0	0	2.133

2) คำนวณค่า T^{-1}

Henderson (1976) แสดงให้เห็นว่าเมทริกซ์ T^{-1} จะมีค่า 1 อยู่ในแนวทแยง และค่า -0.5 ในแนวนอนนอกทแยง ณ ตำแหน่งที่เกี่ยวข้องกับเบอร์พ่อและเบอร์แม่ของสัตว์ที่เป็นหมายเลขในแนวทแยง ดังนั้นจะได้ว่า T^{-1} จะมีค่าเป็น

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0	0	0	0	0
2	0	1.000	0	0	0	0
3	-0.50	-0.50	1.000	0	0	0
4	-0.50	0	0	1.000	0	0
5	0	0	-0.50	-0.50	1.000	0
6	0	-0.50	0	0	-0.50	1.000

3) คำนวณค่า $A^{-1} = (T^{-1})' D^{-1} T^{-1}$ ดังนี้

$$A^{-1} = \begin{bmatrix} 1.00 & 0 & -0.5 & -0.5 & 0 & 0 \\ 0 & 1.00 & -0.5 & 0 & 0 & -0.5 \\ 0 & 0 & 1.00 & 0 & -0.5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1.00 & -0.5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1.00 & -0.5 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1.00 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1.000 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1.000 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 2.000 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1.333 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 2.000 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 2.133 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1.00 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1.00 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -0.5 & -0.5 & 1.00 & 0 & 0 & 0 \\ -0.5 & 0 & 0 & 1.00 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -0.5 & -0.5 & 1.00 & 0 \\ 0 & -0.5 & 0 & 0 & -0.5 & 1.00 \end{bmatrix}$$

ซึ่งจะได้ผลลัพธ์ของ A^{-1} ดังนี้

	1	2	3	4	5	6
1	1.833	0.500	-1.00	-0.67	0	0
2	0.500	2.033	-1.00	0	0.533	-1.07
3	-1.00	-1.00	2.500	0.500	-1.00	0
4	-0.67	0	0.500	1.833	-1.00	0
5	0	0.533	-1.00	-1.00	2.533	-1.07
6	0	-1.07	0	0	-1.07	2.132

2.2 การวิเคราะห์ด้วยวิธีลดเมทริกซ์อย่างรวดเร็ว (Rapid Inversion Method)

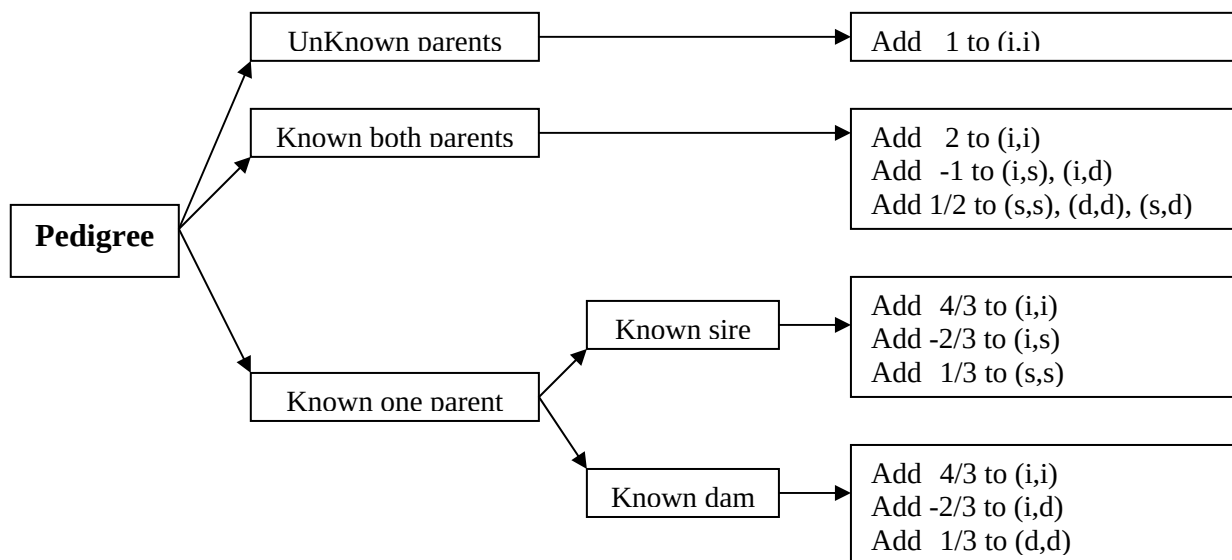
- *Rapid inversion method* Henderson (1976) แสดงให้เห็นว่าหากไม่สนใจค่า inbreeding ของสัตว์ในประชากร การคำนวณ A^{-1} สามารถทำได้สะดวกด้วยวิธีลด (rapid inversion) ทำให้ในการสร้าง HMME ทำได้อย่างรวดเร็ว วิธีลดนี้ ไม่จำเป็นต้องคำนวณเมทริกซ์ A , หรือ T^{-1} และ D^{-1} แต่อย่างใด เพียงแต่อ่านข้อมูลจากพันธุ์ประวัติเท่านั้น โดยมีหลักการดังนี้

- 1) สร้างตาราง $n \times n$ ที่มีการระบุการเป็นพ่อแม่เช่นเดียวกับวิธี tabular แบบปกติ
- 2) ในการคำนวณให้อ่านพันธุ์ประวัติเรียงลำดับตัวสัตว์ทีละตัวโดยอ่านเบอร์พ่อและเบอร์แม่ แล้วเพิ่มค่าต่อไปนี้ลงในตารางของ A^{-1} โดยแบ่งเป็น 3 กรณี ดังตารางที่ 10.1
- 3) ทำเมทริกซ์ให้สมมาตรและเติมค่า 0 ให้กับส่วนที่เหลือในตารางจนสมบูรณ์

ตารางที่ 10.1 ค่าคงที่ที่เพิ่มในตาราง A^{-1} เมื่อมีข้อกำหนดของสัตว์ในพันธุ์ประวัติแบบต่างๆ

เมื่อสัตว์	เพิ่มค่า	ในช่อง
1) ไม่รู้เบอร์พ่อแม่	1	เบอร์สัตว์
2) รู้เบอร์พ่อ และเบอร์แม่	2	เบอร์สัตว์
	-1	ในช่องความสัมพันธ์ตัวสัตว์กับพ่อ
	-1	ในช่องความสัมพันธ์ตัวสัตว์กับแม่
	$\frac{1}{2}$	ในช่องเบอร์พ่อ, เบอร์แม่, คู่ผสมพ่อแม่
3) รู้แต่เบอร์พ่อ (หรือเบอร์แม่)	$\frac{4}{3}$	เบอร์สัตว์
	$-\frac{2}{3}$	ความสัมพันธ์ตัวสัตว์กับพ่อ (หรือกับแม่)
	$\frac{1}{3}$	เบอร์พ่อ (หรือเบอร์แม่)

จากตารางที่ 1 หากกำหนดให้พันธุ์ประวัติมีเบอร์สัตว์ i มีเบอร์พ่อเป็น s และเบอร์แม่เป็น d จะได้ว่าค่าคงที่ที่ให้กับตาราง สามารถสรุปได้ดังแผนภาพที่ 10.1



ภาพที่ 10.1 สรุปค่าคงที่ที่เพิ่มในแต่ละช่อง (แถว,คอลัมน์) ของตาราง A^{-1}

Example 10.6

- จากพันธุ์ประวัติในตัวอย่างที่ 10.1 จงคำนวณส่วนกลับของ relationship matrix ด้วยวิธี rapid inversion

ID	sire	dam
1	-	-
2	-	-
3	1	2
4	1	-
5	4	3
6	5	2

- สร้างตาราง $n \times n$ เช่นเดียวกับตัวอย่าง 10.1
- เริ่มวิเคราะห์แถวที่ 1 (สัตว์เบอร์ 1 ไม่รู้พ่อ-แม่)
เพิ่มค่า 1 ที่ (1,1)
- แถวที่ 2 (สัตว์เบอร์ 2 ไม่รู้พ่อ-แม่)
เพิ่มค่า 1 ที่ (2,2)

เติมค่าลงในตาราง

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	<u>1</u>					
2		<u>1</u>				
3						
4						
5						
6						

- แถวที่ 3 (สัตว์เบอร์ 3 มีพ่อเบอร์ 1 และ แม่เบอร์ 2)
เพิ่มค่า 2 ที่ (3,3)
-1 ที่ (3,1),(3,2)
1/2 ที่ (1,1),(2,2),(2,1)

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	<u>$1 + \frac{1}{2}$</u>					
2	<u>$\frac{1}{2}$</u>	<u>$1 + \frac{1}{2}$</u>				
3	<u>-1</u>	<u>-1</u>	<u>2</u>			
4						
5						
6						

5) แถวที่ 4 (สัตว์เบอร์ 4 มีพ่อเบอร์ 1 และ ไม่ทราบเบอร์แม่)

เพิ่มค่า $4/3$ ที่ (4,4)
 $-2/3$ ที่ (4,1)
 $1/3$ ที่ (1,1)

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	$1+1/2+\underline{1/3}$					
2	$1/2$	$1+1/2$				
3	-1	-1	2			
4	$\underline{-2/3}$			$\underline{4/3}$		
5						
6						

6) แถวที่ 5 (สัตว์เบอร์ 5 มีพ่อเบอร์ 4 และแม่เบอร์ 3)

เพิ่มค่า 2 ที่ (5,5)
 -1 ที่ (5,4),(5,3)
 $1/2$ ที่ (4,4),(3,3),(4,3)

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	$1+1/2+1/3$					
2	$1/2$	$1+1/2$				
3	-1	-1	$2+\underline{1/2}$			
4	$-2/3$		$\underline{1/2}$	$4/3+\underline{1/2}$		
5			$\underline{-1}$	$\underline{-1}$	$\underline{2}$	
6						

7) แถวที่ 6 (สัตว์เบอร์ 6 มีพ่อเบอร์ 5 และแม่เบอร์ 2)

เพิ่มค่า 2 ที่ (6,6)
 -1 ที่ (6,5),(6,2)
 $1/2$ ที่ (5,5),(2,2),(5,2)

	-,-	-,-	1,2	1,-	4,3	5,2
	1	2	3	4	5	6
1	1+1/2+1/3					
2	1/2	1+1/2+ <u>1/2</u>				
3	-1	-1	2+1/2			
4	-2/3		1/2	4/3+1/2		
5		<u>1/2</u>	-1	-1	2+ <u>1/2</u>	
6		<u>-1</u>			<u>-1</u>	<u>2</u>

8) ทำเมทริกซ์ให้สมมาตรและเติมค่า 0 ให้ช่องที่เหลือ ซึ่งจะได้ว่า A^{-1} มีค่าเป็น

	1	2	3	4	5	6
1	1.833	0.500	-1.00	-0.67	0.000	0.000
2	0.500	2.000	-1.00	0.000	0.500	-1.00
3	-1.00	-1.00	2.500	0.500	-1.00	0.000
4	-0.67	0.000	0.500	1.833	-1.00	0.000
5	0.000	0.500	-1.00	-1.00	2.500	-1.00
6	0.000	-1.00	0.000	0.000	-1.00	2.000

จากตัวอย่างที่ 10.4 ถ้าไม่สนใจเลือกขีดจะพบว่าค่าในเมทริกซ์ D^{-1} จะมีเพียง 1, 4/3 และ 2 ดังนั้น $A^{-1} = (T^{-1})' D^{-1} T^{-1}$ มีค่าเท่ากับ

$$A^{-1} = \begin{bmatrix} 1.00 & 0 & -0.5 & -0.5 & 0 & 0 \\ 0 & 1.00 & -0.5 & 0 & 0 & -0.5 \\ 0 & 0 & 1.00 & 0 & -0.5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1.00 & -0.5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1.00 & -0.5 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1.00 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1.000 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1.000 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 2.000 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1.333 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 2.000 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 2.000 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1.00 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1.00 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -0.5 & -0.5 & 1.00 & 0 & 0 & 0 \\ -0.5 & 0 & 0 & 1.00 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -0.5 & -0.5 & 1.00 & 0 \\ 0 & -0.5 & 0 & 0 & -0.5 & 1.00 \end{bmatrix}$$

จะได้ว่า A^{-1} มีผลลัพธ์เช่นเดียวกับในข้อ 8) โดยค่าเป็น

	1	2	3	4	5	6
1	1.833	0.500	-1.00	-0.67	0.000	0.000
2	0.500	2.000	-1.00	0.000	0.500	-1.00
3	-1.00	-1.00	2.500	0.500	-1.00	0.000
4	-0.67	0.000	0.500	1.833	-1.00	0.000
5	0.000	0.500	-1.00	-1.00	2.500	-1.00
6	0.000	-1.00	0.000	0.000	-1.00	2.000

▪ Finding A from variance equation

2) แปลงสมการ [1] ให้อยู่ในรูปของความแปรปรวน

จาก [1] สามารถเขียนรูปสมการใหม่ได้เป็น

$$(I - \frac{1}{2}P)a = \Phi \quad \text{หรือ} \quad a = (I - \frac{1}{2}P)^{-1}\Phi$$

ดังนั้น หากแปลงให้อยู่ในรูป variance จะได้ว่า

$$\begin{aligned} \text{Var}\{a\} &= \text{Var}\{(I - \frac{1}{2}P)^{-1}\Phi\} \\ &= (I - \frac{1}{2}P)^{-1} \text{Var}\{\Phi\} (I - \frac{1}{2}P')^{-1} \\ A\sigma_a^2 &= (I - \frac{1}{2}P)^{-1} (D\sigma_a^2) (I - \frac{1}{2}P')^{-1} \end{aligned}$$

เมื่อความแปรปรวนของค่าการผสมพันธุ์มีค่าเป็น $\text{Var}\{a\} = A\sigma_a^2$ โดยที่ A เป็น numerator relationship matrix; ความแปรปรวนของ Mendelian sampling อธิบายในรูปของ additive variance มีค่าเป็น $\text{Var}\{\Phi\} = D\sigma_a^2$ โดยที่ D เป็น diagonal matrix ของค่าคงที่ที่สัมพันธ์กับ Mendelian sampling variance ดังนั้น numerator relationship จึง derive ได้จาก

$$\begin{aligned} A &= (I - \frac{1}{2}P)^{-1} (D) (I - \frac{1}{2}P')^{-1} \\ \text{โดย } A^{-1} \text{ หาได้จาก} \\ A^{-1} &= (I - \frac{1}{2}P')(D^{-1})(I - \frac{1}{2}P) \\ &= (D^{-1} - \frac{1}{2}P'D^{-1})(I - \frac{1}{2}P) \\ &= \underbrace{D^{-1}}_{\text{diagonal}} - \underbrace{\frac{1}{2}D^{-1}P}_{\text{parent - progeny}} + \underbrace{\frac{1}{4}P'D^{-1}P}_{\text{parent - parent}} \end{aligned}$$

▪ A^{-1} construct from four contributions

จะเห็นว่า A^{-1} จะประกอบจาก 3 ส่วนได้แก่ 1) ส่วนของ D^{-1} ที่เกี่ยวข้องกับตัวสัตว์เอง (d_{ii}^{-1}), 2) ส่วนของ $D^{-1}P$ และ $P'D^{-1}$ ที่สัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์กับพ่อและระหว่างตัวสัตว์กับแม่, และ 3) $P'D^{-1}P$ ที่เกี่ยวข้องกับตัวพ่อ, ตัวแม่ และระหว่างพ่อและแม่

ดังนั้นในการสร้างเมทริกซ์ A^{-1} จึงสร้างได้จากการเพิ่มค่า d_{ii}^{-1} ให้กับเมทริกซ์ตามเบอร์สัตว์ (i), เบอร์พ่อ (j), และเบอร์แม่ (k) ที่ปรากฏในพันธุ์ประวัติโดยเพิ่มค่าต่อไปนี้ลงในตำแหน่งต่างๆในตาราง A^{-1} ดังนี้

$$\begin{aligned} d_{ii}^{-1} &\text{ ให้กับ } a^{ii} \\ -\frac{1}{2}d_{ii}^{-1} &\text{ ให้กับ } a^{ij}, a^{ik}, a^{ij}, a^{ik} \\ \frac{1}{4}d_{ii}^{-1} &\text{ ให้กับ } a^{jj}, a^{kk}, a^{jk}, a^{kj} \end{aligned}$$

เมื่อ a^{ii} เป็นตำแหน่งที่ i ของแนว diagonal ของเมทริกซ์ A^{-1} , a^{ij} เป็นตำแหน่งที่ i และ j ของเมทริกซ์ A^{-1} , ... , เป็นต้น

หรือสรุปเป็นตารางได้ดังนี้

	animal (i)	sire (j)	dam (k)
animal (i)	d_{ii}^{-1}	$-\frac{1}{2}d_{ii}^{-1}$	$\frac{1}{4}d_{ii}^{-1}$
sire (j)	$-\frac{1}{2}d_{ii}^{-1}$	$\frac{1}{4}d_{ii}^{-1}$	$\frac{1}{4}d_{ii}^{-1}$
dam (k)	$\frac{1}{4}d_{ii}^{-1}$	$\frac{1}{4}d_{ii}^{-1}$	$\frac{1}{4}d_{ii}^{-1}$

3) คำนวณค่า d_{ii}^{-1}

ค่า d_{ii}^{-1} ซึ่งเป็นส่วนของ diagonal ในเมทริกซ์ $\mathbf{D}^{-1}$ หาได้จาก Mendelian sampling variance coefficient ดังนี้

จาก BV ของสัตว์ประเมินได้จากครึ่งหนึ่งของ BV จากพ่อและแม่บวกด้วย ความคลาดเคลื่อนที่เกิดได้จาก Mendelian sampling

$$a_i = \frac{1}{2}a_s + \frac{1}{2}a_d + \phi_i$$

หากแปลงให้อยู่ในรูป variance จะได้ว่า

$$\begin{aligned} \text{Var}(a_i) &= \text{Var}\left(\frac{1}{2}a_s + \frac{1}{2}a_d + \phi_i\right) \\ &= \frac{1}{4}\text{Var}(a_s) + \frac{1}{4}\text{Var}(a_d) + \text{Var}(\phi_i) \end{aligned}$$

ดังนั้น

$$\text{Var}(\phi_i) = \text{Var}(a_i) - \frac{1}{4}\text{Var}(a_s) - \frac{1}{4}\text{Var}(a_d)$$

จะเห็นว่าเมื่อไม่คำนึงถึงอัตราเลือดชิด และกำหนดให้ $\text{Var}(a_i) = \text{Var}(a_s) = \text{Var}(a_i) = \text{Var}(a_s) = \text{Var}(a_d) = \text{Var}(a) = \sigma_a^2$ จะได้ว่า $\text{Var}(\phi_i)$ จากสัตว์แต่ละตัว ประเมินได้จาก 3 กรณี ได้แก่

i) เมื่อทราบทั้งเบอร์พ่อและแม่

$$\text{Var}(\phi_i) = \frac{1}{2}\sigma_a^2 \quad \rightarrow d_{ii} = \frac{1}{2} \quad \rightarrow d_{ii}^{-1} = 2$$

ดังนั้นค่าที่เพิ่มในตาราง $\mathbf{A}^{-1}$ จึงมีรูปแบบเป็น

	animal (i)	sire (j)	dam (k)
animal (i)	2	-1	$\frac{1}{2}$
sire (j)	-1	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$
dam (k)	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$

ii) เมื่อทราบเบอร์พ่อหรือแม่เพียงตัวเดียว

$$\text{Var}(\phi_i) = \frac{3}{4} \sigma_a^2 \quad \rightarrow d_{ii} = \frac{3}{4} \quad \rightarrow d_{ii}^{-1} = \frac{4}{3}$$

ดังนั้นค่าที่เพิ่มในตาราง A^{-1} (เมื่อทราบแต่พ่อ) จึงมีรูปแบบเป็น

	animal (i)	sire (j)	dam (k)
animal (i)	$\frac{4}{3}$	$-\frac{2}{3}$	-
sire (j)	$-\frac{2}{3}$	$\frac{1}{3}$	-
dam (k)	-	-	-

และค่าที่เพิ่มในตาราง A^{-1} (เมื่อทราบแต่แม่) จึงมีรูปแบบเป็น

	animal (i)	sire (j)	dam (k)
animal (i)	$\frac{4}{3}$	-	$-\frac{2}{3}$
sire (j)	-	-	-
dam (k)	$-\frac{2}{3}$	-	$\frac{1}{3}$

iii) เมื่อไม่ทราบทั้งเบอร์พ่อและแม่

$$\text{Var}(\phi_i) = \sigma_a^2 \quad \rightarrow d_{ii} = 1 \quad \rightarrow d_{ii}^{-1} = 1$$

ดังนั้นค่าที่เพิ่มในตาราง A^{-1} จึงมีรูปแบบเป็น

	animal (i)	sire (j)	dam (k)
animal (i)	1	-	-
sire (j)	-	-	-
dam (k)	-	-	-

IV. การวิเคราะห์ความสัมพันธ์พันธุกรรมแบบซับซ้อนของยีน

ในการคำนวณ dominance genetic relationship นั้น มีความสำคัญในกรณีที่ต้องการประเมินพันธุกรรมแบบซับซ้อนของยีน ซึ่งโดยทั่วไปจะซับซ้อนกว่าการคำนวณ additive genetic relationship เนื่องจากอิทธิพลดังกล่าวจัดเป็น non-additive effect กล่าวคือจะไม่สามารถถ่ายทอดไปยังรุ่นต่อไป แต่จะเกิดขึ้นจากการผสมพันธุ์ระหว่างพ่อแม่แต่ละคู่ (specific combining) ดังนั้น อย่างไรก็ตามในการวิเคราะห์ความสัมพันธ์เนื่องจากอิทธิพลแบบซับซ้อนของยีนนี้สามารถทำได้หลายวิธีดังนี้

3.1 การวิเคราะห์เส้นทาง (Path Analysis)

▪ Dominance relationship from path analysis

ข้อดีของวิธีนี้คือสามารถเลือกวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์เพียงบางคู่ได้และนิยมใช้ในกรณีที่มีจำนวนสัตว์ไม่มาก

- 1) สร้างแผนภาพลูกศร (arrow diagram) จากพันธุ์ประวัติ เช่นเดียวกับที่กล่าวไว้ในข้อ 2.1
- 2) คำนวณ numerator relationship ระหว่างสัตว์แต่ละคู่ จากสูตร

$$d_{xy} = (2a_{xy})(2a'_{xy}) = 4a_{xy}a'_{xy}$$

เมื่อ d_{xy} เป็นความสัมพันธ์เนื่องจากอิทธิพลแบบซ้อนกันของยีนระหว่างสัตว์ x และ y , a_{xy} , a'_{xy} เป็น additive relationship ระหว่างสัตว์ x และ y เมื่อบรรพบุรุษร่วมเป็นเพศผู้และเพศเมียตามลำดับ ส่วนการวิเคราะห์ a_{xy} นั้นใช้วิธีการเดียวกับในข้อ 2.1 ที่ผ่านมากล่าวคือ

$$a_{xy} = \sum_i \left(\frac{1}{2}\right)^n (1 + F_c)$$

เมื่อ a_{xy} เป็นความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์ x และ y , i เป็นจำนวนเส้นทาง (path) จาก x และ y , n เป็นจำนวนลูกศร (arrow) ในแต่ละเส้นทาง, และ F_c เป็นค่าอัตราเลือดชิดของบรรพบุรุษร่วม

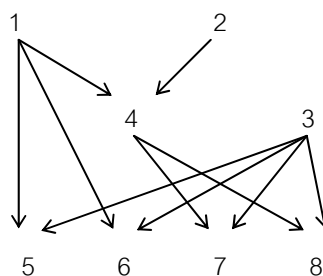
สังเกตว่าในการวิเคราะห์ d_{xy} ต้องการอย่างน้อย 2 path ที่มี common ancestor ต่างกัน หากสัตว์ 2 ตัวมีความสัมพันธ์กันได้เพียง path เดียว จะได้ว่า $d_{xy} = 0$

▪ Example 10.7

- จากพันธุ์ประวัติที่กำหนดให้ จงคำนวณ numerator relationship แบบซ้อนกันของยีน

ID	sire	dam
1	-	-
2	-	-
3	-	-
4	1	2
5	1	3
6	1	3
7	4	3
8	4	3

- 1) สร้างแผนภาพลูกศร (arrow diagram) จากพันธุ์ประวัติ



2) คำนวณ dominance relationship ระหว่างสัตว์แต่ละคู่

a) $d_{xy} = 0$ เมื่อสัตว์ไม่สัมพันธ์กัน และสัตว์มีความสัมพันธ์กันได้ผ่านทาง path เดียว ดังนั้น

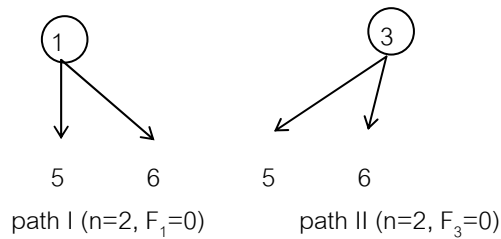
$$d_{12}, d_{13}, \dots, d_{18} = 0$$

$$d_{23}, d_{24}, \dots, d_{28} = 0$$

$$d_{34}, d_{35}, \dots, d_{38} = 0$$

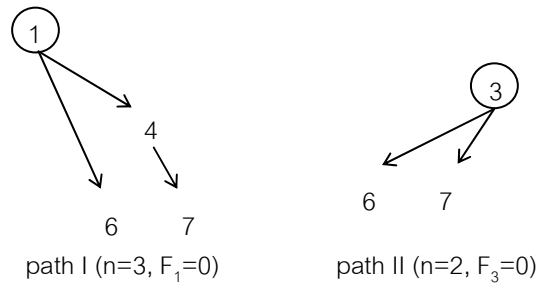
$$d_{45}, d_{46}, \dots, d_{48} = 0$$

b) ในกรณีที่ 2 เส้นทางตามที่กำหนด วิเคราะห์ความสัมพันธ์ได้ดังนี้ สมมุติต้องการ คำนวณ d_{56}



$$\begin{aligned} d_{56} &= (2a_{56})(2a'_{56}) \\ &= 4\left(\frac{1}{2}\right)^2\left(\frac{1}{2}\right)^2 \\ &= \frac{1}{4} = 0.25 \end{aligned}$$

สมมุติต้องการคำนวณ d_{67}



$$\begin{aligned} d_{67} &= (2a_{67})(2a'_{67}) \\ &= 4\left(\frac{1}{2}\right)^3\left(\frac{1}{2}\right)^2 \\ &= \frac{1}{8} = 0.125 \end{aligned}$$

c) เมื่อวิเคราะห์ relationship ครบทุกคู่ จะได้ผลลัพธ์ดังนี้

	1	2	3	4	5	6	7	8
1	1.000	0	0	0	0	0	0	0
2	0	1.000	0	0	0	0	0	0
3	0	0	1.000	0	0	0	0	0
4	0	0	0	1.000	0	0	0	0
5	0	0	0	0	1.000	0.250	0.125	0.125
6	0	0	0	0	0.250	1.000	0.125	0.125
7	0	0	0	0	0.125	0.125	1.000	0.250
8	0	0	0	0	0.125	0.125	0.250	1.000

3.2 การวิเคราะห์จากตาราง additive relationship

▪ Dominance relationship from additive relationship

วิธีนี้จัดว่าเป็นวิธีที่นิยมใช้ทั่วไป เนื่องจากสามารถวิเคราะห์ได้แม้ความสัมพันธ์ของสัตว์จะมีความซับซ้อนซึ่งในกรณีของการวิเคราะห์เส้นทางอาจทำได้ยาก อย่างไรก็ตามวิธีการนี้ต้องมีกรวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของสัตว์ในแบบ additive relationship เสียก่อน จากนั้นใช้วิธีการของ Cockerham (1954) ในการหา dominance relationship จากตารางดังกล่าวอีกที โดยมีรายละเอียดดังนี้

- 1) คำนวณ additive relationship โดยใช้ tabular method หรือวิธีการอื่นๆ ที่กล่าวไว้ในข้อ 2.1-2.4
- 2) สร้างตาราง $n \times n$ เพิ่มขึ้นอีก 1 ตาราง เมื่อ n เป็นจำนวนสัตว์ทั้งหมดใน pedigree สำหรับคำนวณ dominance relationship ระบุสัตว์ที่เป็นพ่อและแม่ของสัตว์จากพันธุ์ประวัติที่ทราบบนหัวตาราง และใส่ค่า 1 ลงในแนวทแยงของตาราง
- 3) วิเคราะห์ความสัมพันธ์แบบ dominance โดยกำหนดให้
 - a) $Row_i = 0$ และ $Col_i = 0$ เมื่อ i สัตว์ที่ไม่ทราบเบอร์พ่อ-แม่ หรือทราบเพียงเบอร์พ่อหรือแม่
 - b) $d_{ij} = \frac{1}{4}(a_{s_i s_j} a_{d_i d_j} + a_{s_i d_j} a_{s_j d_i})$ เมื่อ d_{ij} เป็น dominance relationship ระหว่างสัตว์ i และ j ; $a_{s_i s_j}$ เป็น additive relationship ระหว่างพ่อของ i กับพ่อของ j , $a_{d_i d_j}$ เป็น additive relationship ระหว่างแม่ของ i กับแม่ของ j , $a_{s_i d_j}$ เป็น additive relationship ระหว่างพ่อของ i กับแม่ของ j , และ $a_{s_j d_i}$ เป็น additive relationship ระหว่างพ่อของ j กับแม่ของ i

▪ Example 10.8

- จากพันธุ์ประวัติในตัวอย่างที่ 10.6 จงใช้วิธี tabular ในการคำนวณ dominance relationship

1) วิเคราะห์ additive relationship

	-,-	-,-	-,-	1,2	1,3	1,3	4,3	4,3
	1	2	3	4	5	6	7	8
1	1.000	0	0	0.500	0.500	0.500	0.250	0.250
2	0	1.000	0	0.500	0	0	0.250	0.250
3	0	0	1.000	0	0.500	0.500	0.500	0.500
4	0.500	0.500	0	1.000	0.250	0.250	0.500	0.500
5	0.500	0	0.500	0.250	1.000	0.500	0.375	0.375
6	0.500	0	0.500	0.250	0.500	1.000	0.375	0.375
7	0.250	0.250	0.500	0.500	0.375	0.375	1.000	0.500
8	0.250	0.250	0.500	0.500	0.375	0.375	0.250	1.000

2) สร้างตาราง nxn สำหรับ dominance relationship

a) ใส่ค่า 1 ให้กับแนวทแยงของตาราง

b) คอลัมน์และแถวที่ 1, 2, 3 (สัตว์เบอร์ 1,2,3 ไม่รู้พ่อแม่)

$$Row_i = 0 \text{ และ } Col_i = 0$$

	-,-	-,-	-,-	1,2	1,3	1,3	4,3	4,3
	1	2	3	4	5	6	7	8
1	1.000	0	0	0	0	0	0	0
2	0	1.000	0	0	0	0	0	0
3	0	0	1.000	0	0	0	0	0
4	0	0	0	1.000				
5	0	0	0		1.000			
6	0	0	0			1.000		
7	0	0	0				1.000	
8	0	0	0					1.000

c) วิเคราะห์ความสัมพันธ์ที่เหลือ

แถวที่ 4i) d_{45} (พ่อแม่ของ 4 คือ 1,2 และ พ่อแม่ของ 5 คือ 1,3)

$$d_{45} = \frac{1}{4}(a_{11}a_{23} + a_{13}a_{21})$$

$$= \frac{1}{4}[(1)(0) + (0)(0)] = 0$$

ii) d_{46} (พ่อแม่ของ 4 คือ 1,2 และ พ่อแม่ของ 6 คือ 1,3)

$$d_{46} = d_{45} = 0$$

iii) d_{47} (พ่อแม่ของ 4 คือ 1,2 และ พ่อแม่ของ 7 คือ 4,3)

$$\begin{aligned} d_{47} &= \frac{1}{4}(a_{14}a_{23} + a_{13}a_{24}) \\ &= \frac{1}{4}[(0)(0) + (0)(0)] = 0 \end{aligned}$$

iv) d_{48} (พ่อแม่ของ 4 คือ 1,2 และ พ่อแม่ของ 8 คือ 4,3)

$$d_{48} = d_{47} = 0$$

แถวที่ 5

i) d_{56} (พ่อแม่ของ 4 คือ 1,3 และ พ่อแม่ของ 6 คือ 1,3)

$$\begin{aligned} d_{56} &= \frac{1}{4}(a_{11}a_{33} + a_{13}a_{31}) \\ &= \frac{1}{4}[(1)(1) + (0)(0)] = 0.25 \end{aligned}$$

ii) d_{57} (พ่อแม่ของ 5 คือ 1,3 และ พ่อแม่ของ 7 คือ 4,3)

$$\begin{aligned} d_{57} &= \frac{1}{4}(a_{14}a_{33} + a_{13}a_{34}) \\ &= \frac{1}{4}[(0.5)(1) + (0)(0)] = 0.125 \end{aligned}$$

iv) d_{58} (พ่อแม่ของ 5 คือ 1,3 และ พ่อแม่ของ 8 คือ 4,3)

$$d_{58} = d_{57} = 0.125$$

แถวที่ 6

i) d_{67} (พ่อแม่ของ 6 คือ 1,3 และ พ่อแม่ของ 7 คือ 4,3)

$$\begin{aligned} d_{67} &= \frac{1}{4}(a_{14}a_{33} + a_{13}a_{34}) \\ &= \frac{1}{4}[(0.5)(1) + (0)(0)] = 0.125 \end{aligned}$$

ii) d_{68} (พ่อแม่ของ 6 คือ 1,3 และ พ่อแม่ของ 8 คือ 4,3)

$$d_{68} = d_{67} = 0.125$$

แถวที่ 7

i) d_{78} (พ่อแม่ของ 7 คือ 4,3 และ พ่อแม่ของ 8 คือ 4,3)

$$\begin{aligned} d_{78} &= \frac{1}{4}(a_{44}a_{33} + a_{43}a_{34}) \\ &= \frac{1}{4}[(1)(1) + (0)(0)] = 0.25 \end{aligned}$$

เมื่อเติมค่าทั้งหมดลงในตารางจะได้ว่า dominance relationship มีค่าดังนี้

	-,-	-,-	-,-	1,2	1,3	1,3	4,3	4,3
	1	2	3	4	5	6	7	8
1	1.000	0	0	0	0	0	0	0
2	0	1.000	0	0	0	0	0	0
3	0	0	1.000	0	0	0	0	0
4	0	0	0	1.000	0	0	0	0
5	0	0	0	0	1.000	0.250	0.125	0.125
6	0	0	0	0	0.250	1.000	0.125	0.125
7	0	0	0	0	0.125	0.125	1.000	0.250
8	0	0	0	0	0.125	0.125	0.250	1.000

v. การวิเคราะห์ส่วนกลับของเมทริกซ์ความสัมพันธ์แบบข้ามกันของยีน

เนื่องจากส่วนกลับของเมทริกซ์ความสัมพันธ์ทางสายเลือด (D^{-1}) เป็นส่วนที่ต้องการในการประมาณค่าของอิทธิพลจากการข้ามกันของยีน (dominance gene effect) ด้วย BLUP เช่นเดียวกับการที่ต้องการ A^{-1} ในการประมาณค่าอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม (additive gene effect) เนื่องจากยีนแบบข้ามไม่สามารถถ่ายทอดแบบสะสมสู่รุ่นลูกได้ (non-additive gene effect) ทำให้ในการคำนวณแบบลัดเพื่อหาความสัมพันธ์หรือส่วนกลับของความสัมพันธ์ทำได้ค่อนข้างยาก อย่างไรก็ตาม Hoeschele and Van Raden (1991) เสนอวิธีการประมาณ individual dominance มาเป็น parental dominance และได้เสนอวิธีลัดในการคำนวณค่า inverse ของ parental dominance หรือ full-sib effects หรือ parental subclass effects ซึ่งแม้ว่าจะค่อนข้างซับซ้อนแต่ก็สามารถใช้ในการประเมินพันธุกรรมในกรณีที่มี pedigree ขนาดใหญ่ได้ โดยมีรายละเอียดดังนี้

5.1 การวิเคราะห์ parental subclass และการสร้าง subclass pedigree

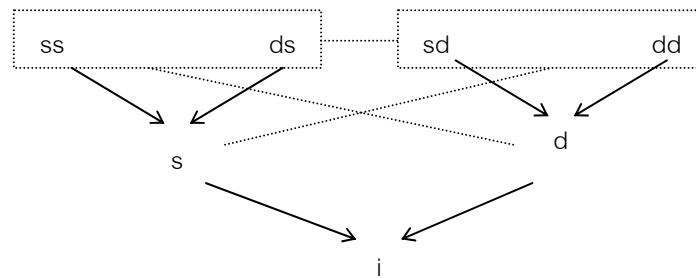
▪ Creating subclass pedigree

แทนที่จะวิเคราะห์ dominance relationship ระหว่างตัวสัตว์ (individual) โดยตรง Hoeschele and Van Raden (1991) ใช้วิธีการหา relationship ระหว่าง parental subclass แทน เนื่องจากสามารถใช้คอมพิวเตอร์ช่วยในการคำนวณในลักษณะการทำซ้ำ (recursive) ได้สะดวก ดังนั้นจึงต้องมีการวิเคราะห์ parental subclass ที่เกี่ยวข้องในการประเมินค่า dominance ของตัวสัตว์เหล่านั้นเสียก่อน ส่วน parental subclass นั้นนอกจากจะหมายถึงคู่ผสมพ่อแม่แม่ที่ทำให้เกิดลูกเป็นตัวสัตว์นั้นแล้ว ยังรวมถึง subclass อื่นๆที่เกี่ยวข้องในสมการการประมาณค่าอิทธิพลของ parental dominance หรือ full-sib ซึ่งมีรูปแบบเป็น

$$f_{s,d} = 0.5(f_{s,sd} + f_{s,dd} + f_{d,ss} + f_{d,ds}) - 0.25(f_{ss,sd} + f_{ss,dd} + f_{ds,sd} + f_{ds,dd})$$

เมื่อ $f_{i,j}$ เป็น fullsib effect ระหว่างสัตว์ i และ j , และ s = sire, ss = sire of sire, ds = dam of sire, sd = sire of dam และ dd = dam of dam

ซึ่งเขียนในรูปการวิเคราะห์เส้นทางได้ว่า parental dominance effect ประกอบด้วยความสัมพันธ์ระหว่าง 3 ส่วนได้แก่ 1) sire กับ parents of dam, 2) dam กับ parents of sire และ 3) parents of sire กับ parents of dam ดังภาพ



ซึ่งจะเห็นได้ว่าการวิเคราะห์ parental dominance จึงต้องการ $f_{i,j}$ อื่นๆ นอกเหนือจากความสัมพันธ์ระหว่างคู่ผสมพ่อแม่ ($f_{s,d}$) โดยมีรายละเอียด ซึ่งสรุปจากวิธีของ Hoeschele and Van Raden (1991) ได้ดังนี้

Example 10.9

- จากพันธุ์ประวัติของ Hoeschele and Van Raden (1991) ซึ่งได้ดัดแปลงให้อยู่ในรูปตัวเลข

เพื่อให้การคำนวณสะดวกขึ้น จึงคำนวณ parental subclass (ที่มีเครื่องหมาย * แสดงถึงสัตว์นั้นมีข้อมูลบันทึกตัวเอง)

ID	sire	dam	Known-record
1	0	0	
2	0	0	
3	0	0	
5	0	0	
6	1	2	*
7	1	0	
8	3	5	*
9	0	6	
10	8	6	*
13	8	7	*
14	8	0	
15	8	9	*
16	14	6	*
17	8	7	
18	8	9	
20	14	6	

- 1) สร้างตารางขนาด 6 คอลัมน์ โดยระบุชื่อคอลัมน์เป็น s, d, ss, ds, sd, ds
 - 2) จาก pedigree file เลือกสัตว์ที่มีเบอร์พ่อและแม่ครบ โดยเลือกเฉพาะสัตว์ที่มี record ใน data file ใส่หมายเลข s, d ลงในตาราง
- Select sire-dam subclass for animal with record

S	D	SS	DS	SD	DD
1	2				
3	5				
8	6				
8	7				
8	9				
14	6				

- *Read number for parents of sire, and parents of dam* 3) อ่านหมายเลข parents of sire (SS, DS) และ parents of dam (SD, DD) ลงในตาราง พร้อมทั้งให้รหัสชุดการ pass subclass เป็น 1

S	D	SS	DS	SD	DD	Pass
1	2	0	0	0	0	1
3	5	0	0	0	0	1
8	6	3	5	1	2	1
8	7	3	5	1	0	1
8	9	3	5	0	6	1
14	6	8	0	1	2	1

- *Create new subclass for sire and parents of dam; dam and parents of sire* 4) ในแต่ละแถว ให้อ่าน subclass ความสัมพันธ์ระหว่าง sire กับ parents of dam (S,SD และ S,DD) และ dam กับ parents of sire (D,SS และ D,DS) หากพบ subclass คู่ใหม่ให้เพิ่มลงใน S และ D ในแถวต่อไป (โดยเรียงลำดับหมายเลขภายใน subclass เช่น หากพบคู่ 4,2 ให้ลงในตารางเป็น 2,4)

S	D	SS	DS	SD	DD	Pass
1	2	0	0	0	0	1
3	5	0	0	0	0	1
8	6	3	5	1	2	1
8	7	3	5	1	0	1
8	9	3	5	0	6	1
14	6	8	0	1	2	1
1	8					
2	8					
3	6					
5	6					
3	7					
5	7					
3	9					
5	9					
1	14					
2	14					

- *Read number for parents of sire, and parents of dam for new subclasses* 5) อ่านหมายเลข parents of sire (SS, DS) และ parents of dam (SD, DD) ลงในตาราง พร้อมทั้งให้รหัสชุดการ pass subclass เป็น 2

S	D	SS	DS	SD	DD	Pass
---	---	----	----	----	----	------

1	2	0	0	0	0	1
3	5	0	0	0	0	1
8	6	3	5	1	2	1
8	7	3	5	1	0	1
8	9	3	5	0	6	1
14	6	8	0	1	2	1
1	8	0	0	3	5	2
2	8	0	0	3	5	2
3	6	0	0	1	2	2
5	6	0	0	1	2	2
3	7	0	0	1	0	2
5	7	0	0	1	0	2
3	9	0	0	0	6	2
5	9	0	0	0	6	2
1	14	0	0	8	0	2
2	14	0	0	8	0	2

- *Recursion until no new subclass was found*

6) ทำซ้ำ (recursive) ในข้อ 4-5) พร้อมทั้งให้รหัสการ pass subclass เป็น 3, 4, ... จนกระทั่งไม่พบหมายเลข subclass ใหม่

S	D	SS	DS	SD	DD	Pass
1	2	0	0	0	0	1
3	5	0	0	0	0	1
8	6	3	5	1	2	1
8	7	3	5	1	0	1
8	9	3	5	0	6	1
14	6	8	0	1	2	1
1	8	0	0	3	5	2
2	8	0	0	3	5	2
3	6	0	0	1	2	2
5	6	0	0	1	2	2
3	7	0	0	1	0	2
5	7	0	0	1	0	2
3	9	0	0	0	6	2
5	9	0	0	0	6	2
1	14	0	0	8	0	2
2	14	0	0	8	0	2
1	3	0	0	0	0	3
1	5	0	0	0	0	3
2	3	0	0	0	0	3
2	5	0	0	0	0	3

- *Passing code*

7) ให้รหัส subclass ตั้งแต่ pass 2 เป็นต้นไป โดยเรียงลำดับที่ละ subclass ระหว่าง คอลัมน์ S กับ D โดยมีหลักเกณฑ์ดังนี้

a) Subclass ใดที่พบว่าเป็นคู่เดียวกับ (S,D) เมื่อลองจับคู่ระหว่าง S กับ parents of dam (คอลัมน์ S-SD, S-DD) หรือ D กับ parents of sire (D-SS, D-DS) ให้ใส่ รหัส +1

b) Subclass ใดที่พบว่าเป็นคู่เดียวกับ (S,D) เมื่อลองจับคู่ระหว่าง sires of sire กับ parents of dam (คอลัมน์ SS-SD, SS-DD) หรือ dam of sire กับ parents of dam (DS-SD, DS-DD) ให้ใส่รหัส -1

S	D	SS	DS	SD	DD	Pass	Code
1	2	0	0	0	0	1	
3	5	0	0	0	0	1	
8	6	3	5	1	2	1	
8	7	3	5	1	0	1	
8	9	3	5	0	6	1	
14	6	8	0	1	2	1	
1	8	0	0	3	5	2	+1+1+1-1=2
2	8	0	0	3	5	2	+1
3	6	0	0	1	2	2	+1+1-1=1
5	6	0	0	1	2	2	+1+1-1=1
3	7	0	0	1	0	2	+1
5	7	0	0	1	0	2	+1
3	9	0	0	0	6	2	+1
5	9	0	0	0	6	2	+1
1	14	0	0	8	0	2	+1
2	14	0	0	8	0	2	+1
1	3	0	0	0	0	3	+1+1+1-1-1=1
1	5	0	0	0	0	3	+1+1+1-1-1=1
2	3	0	0	0	0	3	+1+1-1=1
2	5	0	0	0	0	3	+1+1-1=1

Note: สังเกตการให้รหัส subclass (1,8) ว่ารหัส +1, +1, +1 ได้จาก (S,SD) ใน subclass (8,6), (8,7), และ (1,14) และรหัส -1 จาก (SS,SD) ใน subclass (14,6)

- *Checking subclass status* 8) วิเคราะห์สถานภาพ (status) ของแต่ละ subclass ว่าจัดเป็น known (K) หรือ unknown (U) โดยใช้กฎดังนี้
- subclass ที่มี pass = 1 จัดเป็น known
 - Subclass ที่มี code ตั้งแต่ 2 ขึ้นไป จัดเป็น known ส่วน subclass ที่มี code = 1 จัดเป็น unknown

S	D	SS	DS	SD	DD	Pass	Code	Status
1	2	0	0	0	0	1		K
3	5	0	0	0	0	1		K
8	6	3	5	1	2	1		K
8	7	3	5	1	0	1		K
8	9	3	5	0	6	1		K
14	6	8	0	1	2	1		K
1	8	0	0	3	5	2	2	K
2	8	0	0	3	5	2	1	U
3	6	0	0	1	2	2	1	U
5	6	0	0	1	2	2	1	U
3	7	0	0	1	0	2	1	U
5	7	0	0	1	0	2	1	U
3	9	0	0	0	6	2	1	U
5	9	0	0	0	6	2	1	U
1	14	0	0	8	0	2	1	U
2	14	0	0	8	0	2	1	U
1	3	0	0	0	0	3	1	U
1	5	0	0	0	0	3	1	U
2	3	0	0	0	0	3	1	U
2	5	0	0	0	0	3	1	U

- 9) ทำการตรวจสอบ status ในกลุ่ม unknown อีกครั้ง หากพบว่าใน subclass (S,D) ไ้ที่พบว่ามีคู่ subclass (S,*) และ (D,*) ที่มี status เป็น known จะต้องเปลี่ยน status ของ (S,D) นั้นให้เป็น known

Note: เมื่อสังเกต subclass (1,14) จะพบว่า subclass (1,8) และ (14,6) มีสถานภาพเป็น known ทั้งคู่ ดังนั้นต้องจัด subclass (1,14) เป็น known ดังนั้น parental subclass ที่ต้องการในการวิเคราะห์ dominance relationship ได้แก่ (1,2), (3,5), (8,6), (8,7), (8,9), (6,14) และ (1,14) เมื่อ ระบุหมายเลข subclass เรียงลำดับซึ่งจะได้ว่า

S	D	SS	DS	SD	DD	Pass	Code	Status	No
1	2	0	0	0	0	1		K	1
3	5	0	0	0	0	1		K	2
8	6	3	5	1	2	1		K	3
8	7	3	5	1	0	1		K	4
8	9	3	5	0	6	1		K	5
14	6	8	0	1	2	1		K	6
1	8	0	0	3	5	2	2	K	7
2	8	0	0	3	5	2	1	U	
3	6	0	0	1	2	2	1	U	
5	6	0	0	1	2	2	1	U	
3	7	0	0	1	0	2	1	U	
5	7	0	0	1	0	2	1	U	
3	9	0	0	0	6	2	1	U	
5	9	0	0	0	6	2	1	U	
1	14	0	0	8	0	2	1	K	8
2	14	0	0	8	0	2	1	U	
1	3	0	0	0	0	3	1	U	
1	5	0	0	0	0	3	1	U	
2	3	0	0	0	0	3	1	U	
2	5	0	0	0	0	3	1	U	

- 10) สร้าง parental subclass pedigree โดยจัดเรียงลำดับหมายเลขของ known subclass ที่ให้ไว้ในข้อ 9 ให้อยู่ในรูปแบบของ s-d, s-sd, s-dd, d-ss, d-ds, ss-sd, ss-dd, ds-sd, ds-dd ดังนี้

▪ Create parental subclass pedigree

subclass	s-d	s-sd	s-dd	d-ss	d-ds	ss-sd	ss-dd	ds-sd	ds-dd
1	1-2	1-0	1-0	2-0	2-0	0-0	0-0	0-0	0-0
2	3-5	3-0	3-0	5-0	5-0	0-0	0-0	0-0	0-0
3	8-6	8-1	8-2	6-3	6-5	3-1	3-2	5-1	5-2
4	8-7	8-1	8-0	7-3	7-5	3-1	3-0	5-1	5-0
5	8-9	8-0	8-6	9-3	9-5	3-0	3-6	5-0	5-6
6	14-6	14-1	14-2	6-8	6-0	8-1	8-2	0-1	0-2
7	1-8	1-3	1-5	8-0	8-0	0-3	0-5	0-3	0-5
8	1-14	1-8	1-0	14-0	14-0	0-8	0-0	0-8	0-0

เมื่อแปลง parental subclass ทั้งหมดให้อยู่ในระบบเลขของ s-d subclass จะได้ pedigree เป็น

subclass	s-sd	s-dd	d-ss	d-ds	ss-sd	ss-dd	ds-sd	ds-dd
1	0	0	0	0	0	0	0	0
2	0	0	0	0	0	0	0	0
3	7	0	0	0	0	0	0	0
4	7	0	0	0	0	0	0	0
5	0	3	0	0	0	0	0	0
6	8	0	3	0	7	0	0	0
7	0	0	0	0	0	0	0	0
8	7	0	0	0	0	0	0	0

5.2 การวิเคราะห์เมทริกซ์ส่วนกลับของ parental subclass

▪ Inversion of parental subclass relationship matrix

Dominance relationship ระหว่างตัวสัตว์สามารถวิเคราะห์ได้จาก parental subclass pedigree ที่กล่าวไว้ในบทที่ 9 ในการวิเคราะห์หัตถิพลดังกล่าวด้วย BLUP พบว่าการใช้ inverse ของ parental subclass ช่วยให้การวิเคราะห์ทำได้สะดวกขึ้น โดยมีรายละเอียดดังนี้

- 1) สร้างตารางขนาด $n \times n$ เมื่อ n เป็นจำนวน parental subclass ใน pedigree
- 2) อ่าน pedigree เรียงตามลำดับ และเพิ่ม (contribute) ค่าความสัมพันธ์สำหรับ subclass (s,d) ลงในตาราง โดย

2.1 เมื่อมีอย่างน้อย 1 parental subclass ใน 8 subclass ที่ไม่เท่ากับ 0

เพิ่มค่าตัวเลขให้กับ inverse relationship matrix ด้วยค่าที่วิเคราะห์ได้

จาก

$$\mathbf{F}_i^{-1} = \mathbf{c}_i \mathbf{c}_i' r^{ii}$$

เมื่อ $\mathbf{c}_i' = [1 \quad -\mathbf{b}_i']$ และ $\mathbf{b}_i' = [.5 \quad .5 \quad .5 \quad .5 \quad -.25 \quad -.25 \quad -.25 \quad .25]$

โดยกำหนดให้ค่าในส่วนที่ไม่ทราบ subclass ใน $\mathbf{b}_i'$ เป็น 0 และ

$$r^{ii} = \frac{1}{1 - \mathbf{b}_i' \mathbf{F} \mathbf{b}_i}$$

โดยกำหนดให้ค่าในส่วนที่ไม่ทราบ subclass ใน $\mathbf{b}_i'$ เป็น 0

และ $\mathbf{F}$ มีค่าเป็น

$$\mathbf{F} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & .25 & .25 & .5 & 0 & .5 & 0 \\ 0 & 1 & .25 & .25 & 0 & .5 & 0 & .5 \\ .25 & .25 & 1 & 0 & .5 & .5 & 0 & 0 \\ .25 & .25 & 0 & 1 & 0 & 0 & .5 & .5 \\ .5 & 0 & .5 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & .5 & .5 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ .5 & 0 & 0 & .5 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & .5 & 0 & .5 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

2.2 เมื่อทุก parental subclass ใน 8 subclass มีค่าเท่ากับ 0

เพิ่มค่า 1 ให้กับ inverse relationship matrix ในค่าทะแยงของ subclass นั้น

- 3) ทำซ้ำ (recursive) ในข้อ 2 จนครบทุก subclass ของ pedigree จนได้ inverse parental subclass relationship (F^{-1}) ที่สมบูรณ์
- 4) Dominance relationship (D) คำนวณได้จากสมการ $D = \frac{1}{4}WFW' + \frac{3}{4}I$ เมื่อ W เป็น incident matrix ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์กับ subclass (s,d)

▪ *Example 10.10*

- จากพันธุ์ประวัติ parental subclass ที่กำหนดให้ จงคำนวณ parental relationship

subclass	s-sd	s-dd	d-ss	d-ds	ss-sd	ss-dd	ds-sd	ds-dd
1	0	0	0	0	0	0	0	0
2	0	0	0	0	0	0	0	0
3	7	0	0	0	0	0	0	0
4	7	0	0	0	0	0	0	0
5	0	3	0	0	0	0	0	0
6	8	0	3	0	7	0	0	0
7	0	0	0	0	0	0	0	0
8	7	0	0	0	0	0	0	0

- 1) สร้างตารางขนาด 8 คอลัมน์ เพื่อสร้างความสัมพันธ์ระหว่าง subclass 1, 2, ..., 8
- 2) วิเคราะห์ contribution เรียงลำดับตาม pedigree

a) Subclass 1, 2 : $b'_1 = b'_2 = [0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0]$

เนื่องจากทุก subclass มีค่าเท่ากับ 0 ดังนั้นเติมค่า 1 ให้กับแนวทแยง
(1,1), (2,2)

	1	2	3	4	5	6	7	8
1	1							
2		1						
3								
4								
5								
6								
7								
8								

b) Subclass 3: $b'_3 = [0.5 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0]$ เมื่อ 0.5 มาจาก subclass 7

$$r_{33} = \frac{1}{1 - b'_3 F b_3} = 1.33$$

$$c'_3 = [0 \ -0.5 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0]$$

$$c_3 c_3' r^{33} = \begin{bmatrix} 1.33 & -.67 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -.67 & 0.33 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

เพิ่มค่า 1.33 ลงใน (3,3), 0.33 ลงใน (7,7) และ -0.67 ลงใน (3,7) และ (7,3) ตามลำดับ

	1	2	3	4	5	6	7	8
1	1							
2		1						
3			1.33				-.67	
4								
5								
6								
7			-.67				.33	
8								

- c) Subclass 4: $b'_4 = [0.5 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0]$ เมื่อ 0.5 มาจาก subclass 7
ค่า contribution จะได้ลักษณะเดียวกับในข้อ b) ดังนั้นเติมค่า 1.33 ลงใน (4,4),
0.33 ลงใน (7,7) และ -0.67 ลงใน (4,7) และ (7,4) ตามลำดับ

	1	2	3	4	5	6	7	8
1	1							
2		1						
3			1.33				-.67	
4				1.33			-.67	
5								
6								
7			-.67	-.67			.33+.33	
8								

- d) Subclass 5: $b'_5 = [0 \ 0.5 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0]$ เมื่อ 0.5 มาจาก subclass 3
ค่า contribution จะได้ลักษณะเดียวกับในข้อ b) ดังนั้นเติมค่า 1.33 ลงใน (5,5),
0.33 ลงใน (3,3) และ -0.67 ลงใน (3,5) และ (5,3) ตามลำดับ

	1	2	3	4	5	6	7	8
1	1							
2		1						
3			1.33+.33		-.67		-.67	
4				1.33			-.67	
5			-.67		1.33			
6								
7			-.67	-.67			.33+.33	
8								

- e) Subclass 6: $\mathbf{b}'_6 = [0.5 \ 0 \ 0.5 \ 0 \ -0.25 \ 0 \ 0 \ 0]$ เมื่อ 0.5, 0.5, -0.25 มาจาก subclass 8, 3 และ 7 ตามลำดับ

$$r_{66} = \frac{1}{1 - \mathbf{b}'_6 \mathbf{F} \mathbf{b}_6} = 1.33$$

$$\mathbf{c}'_6 = [-0.5 \ 0 \ -0.5 \ 0 \ 0.25 \ 0 \ 0 \ 0]$$

$$\mathbf{c}_6 \mathbf{c}'_6 r_{66} = \begin{bmatrix} 1.78 & -.89 & 0 & -.89 & 0 & 0.44 & 0 & 0 \\ -.89 & 0.44 & 0 & 0.44 & 0 & -.22 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -.89 & 0.44 & 0 & 0.44 & 0 & -.22 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0.44 & -.22 & 0 & -.22 & 0 & 0.11 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

ดังนั้น

เพิ่มค่าในแถวและคอลัมน์ 1 (1.78, -.89, -.89, 0.44) ลงใน subclass ที่ (6,6), (6,8), (6,3) และ (6,7)

เพิ่มค่าในแถวและคอลัมน์ 2 (0.44, 0.44, -.22) ลงใน subclass ที่ (8,8), (8,3), และ (8,7)

เพิ่มค่าในแถวและคอลัมน์ 4 (0.44, -.22) ลงใน subclass ที่ (3,3), และ (3,7)

เพิ่มค่าในแถวและคอลัมน์ 5 (0.11) ลงใน subclass ที่ (7,7)

	1	2	3	4	5	6	7	8
1	1							
2		1						
3			1.33+.33+.44		-.67	-.89	-.67-.22	.44
4				1.33			-.67	
5			-.67		1.33			
6			-.89			1.78	.44	-.89
7			-.67-.22	-.67		.44	.33+.33+.11	-.22
8			.44			-.89	-.22	.44

- f) Subclass 7: $\mathbf{b}'_7 = [0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0]$

เนื่องจากทุก subclass มีค่าเท่ากับ 0 ดังนั้นเติมค่า 1 ให้กับแนวทแยง (7,7), (2,2)

	1	2	3	4	5	6	7	8
1	1							
2		1						
3			1.33+.33+.44		-.67	-.89	-.67-.22	.44
4				1.33			-.67	
5			-.67		1.33			
6			-.89			1.78	.44	-.89
7			-.67-.22	-.67		.44	.33+.33+.11+1	-.22
8			.44			-.89	-.22	.44

g) Subclass 8: $b'_g = [0.5 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0]$ เมื่อ 0.5 มาจาก subclass 7

ค่า contribution จะได้ลักษณะเดียวกับในข้อ b) ดังนั้นเติมค่า 1.33 ลงใน (8,8), 0.33 ลงใน (7,7) และ -0.67 ลงใน (8,7) และ (7,8) ตามลำดับ

	1	2	3	4	5	6	7	8
1	1							
2		1						
3			1.33+.33+.44					
4				1.33				
5					1.33			
6						1.78		
7							.44	
8								.44

ดังนั้น inverse parental subclass relationship (F^{-1}) ที่สมมุติว่ามีค่าเท่ากับ

	1	2	3	4	5	6	7	8
1	1							
2		1						
3			2.11					
4				1.33				
5					1.33			
6						1.78		
7							.44	
8								.44

ซึ่งตรงกับตัวอย่างที่แสดงไว้ใน Hoeschele and Van Raden (1991)

VI. สรุป

- การคำนวณความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ (A) มีความสำคัญในการหา genetic variance-covariance ระหว่างตัวสัตว์ (G) เนื่องจาก $G = A\sigma_a^2$ เมื่อ σ_a^2 เป็น additive genetic variance ซึ่งในการวิเคราะห์ความสัมพันธ์นั้นสามารถทำได้หลายวิธี ซึ่งในบทนี้ได้เสนอไว้ 4 วิธี ได้แก่ 1) การวิเคราะห์เส้นทาง (path analysis), 2) การวิเคราะห์โดยใช้ตารางค่าสัมประสิทธิ์ covariance (tabular method), 3) การวิเคราะห์โดยแยกส่วนประกอบ (decomposition) และ 4) recursive method
- วิธีการวิเคราะห์เส้นทาง (path analysis) เป็นวิธีที่พื้นฐานที่จำเป็น เนื่องจากแสดงให้เห็นการถ่ายทอดทางพันธุกรรมที่ส่งผ่านมาจากบรรพบุรุษได้อย่างชัดเจน และการสังเกตจากแผนภาพลูกศรสามารถทราบได้คร่าวๆ ว่าสัตว์แต่ละคู่ควรมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมต่อกันหรือไม่ อย่างไรก็ตามการวิเคราะห์นี้ต้องทำทีละคู่ หากต้องการความสัมพันธ์ของสัตว์ทุกคู่จะใช้เวลานานมากและในกรณีที่พันธุ์ประวัติมาจก

ประชากรที่มีการผสมพันธุ์ซับซ้อน (complex pedigree) จะทำให้การสร้างแผนภาพ
ลูกศรทำได้ค่อนข้างยาก

- วิธีการวิเคราะห์จากตารางค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนร่วม (tabular method) เป็นวิธีพื้นฐานที่ควรทราบเช่นกัน เนื่องจากค่อนข้างสะดวกหากต้องการหาความสัมพันธ์ของสัตว์ทุกตัวในพันธุ์ประวัติ
- วิธี recursive เป็นวิธีที่สะดวกและรวดเร็วที่สุดในการคำนวณความสัมพันธ์ของสัตว์ทุกตัวในพันธุ์ประวัติ รวมถึงเป็นวิธีที่สะดวกในการสร้างโปรแกรมทางคอมพิวเตอร์
- วิธีการแยกส่วน (decomposition method) นี้เป็นวิธีที่มีบทบาทสำคัญที่ทำให้ Henderson (1976) ค้นพบวิธีลัดในการหาเมทริกซ์ส่วนกลับของความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์ (rapid inversion of numerator relationship matrix) สำหรับประชากรที่มีลักษณะเป็น non-inbred population โดยไม่ต้องมีการคำนวณเมทริกซ์ A รวมถึงไม่จำเป็นต้องทำการ inverse เมทริกซ์ขนาดใหญ่โดยตรง ทำให้การวิเคราะห์ค่า BLUP ในประชากรที่มีพันธุ์ประวัติขนาดใหญ่ทำได้สะดวกและรวดเร็วขึ้นอย่างมาก
- การสร้างส่วนกลับของเมทริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ด้วยวิธีลัด อาศัยหลักการเพิ่มค่าสัมประสิทธิ์ของ Mendelian sampling ที่แตกต่างกันไป ขึ้นกับการปรากฏหมายเลขพ่อและแม่ของสัตว์นั้นๆ ในพันธุ์ประวัติ
- การคำนวณความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ของอิทธิพลแบบข่มของยีน (D) ในบทนี้เสนอไว้ 2 วิธี ได้แก่ 1) การวิเคราะห์เส้นทาง (path analysis) และ 2) การวิเคราะห์จากตาราง additive relationship
- การคำนวณส่วนกลับของเมทริกซ์ความสัมพันธ์แบบข่มของยีน (D^{-1}) ยังไม่มีวิธีลัด แต่ปัจจุบันพบวิธีการวิเคราะห์ค่าส่วนกลับของเมทริกซ์ความสัมพันธ์เนื่องจาก parental subclass (F^{-1}) ซึ่งทำให้การประเมินค่าการผสมพันธุ์ที่มีการปรับอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมแบบไม่บวกสะสมได้รับความนิยมมากขึ้น

บรรณานุกรม

- Cockerham, C.C. 1954. An extension of the concept of partitioning heredity variance for analysis of covariances among relatives when epistasis is parent. *Genetics* 39:859-882.
- Henderson, C.R. 1976. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used for prediction of breeding values. *Biometrics* 32:69-79.
- Henderson, C.R. 1984. *Linear Model Applications for Animal Breeding*. University of Guelph, Guelph.
- Hoeschele, I., and P.M. Van Raden. 1991. Rapid inversion of dominance relationship matrices for noninbred populations by including sire by dam subclass effects. *J. Dairy Sci.* 74:557-569.
- Mrode, R.A. 1996. *Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values*. CAB International, Oxon.

- Quaas, R.L. 1976. Computing the diagonal elements and inverse of a large numerator relationship matrix. *Biometrics* 32:949.
- Schaeffer, L.R. 1994. Course Note in Linear model. Guelph University, Guelph.
- Schaeffer, L.R., B. W. Kennedy, and J.P. Gibson. 1989. The inverse of the gametic relationship matrix. *J. Dairy Sci.* 72:1266-1272.
- Smith, S.P., and A. Maki-Tanila. 1990. Genotypic covariance matrices and their inverses for models allowing dominance and inbreeding. *Genet. Sel. Evol.* 22:65-91.



1. กำหนดให้น้ำหนักหย่านมในโคนเนื้อนี้มีตัวแบบเป็น

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

เมื่อ $\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ d \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & D\sigma_d^2 \end{bmatrix}$ และกำหนดให้ $\sigma_a^2 = 50$, $\sigma_d^2 = 20$ และ $\sigma_e^2 = 100$

จากข้อมูลที่กำหนดให้

id	sire	dam	sex	wwt (kg)
1	-	-	1	-
2	-	-	1	180
3	-	-	2	150
4	1	2	1	180
5	1	3	1	220
6	2	3	2	200

จงประเมินค่า breeding value และ dominance effect ของสัตว์จากโมเดลที่กำหนดให้

2. จากข้อมูลในข้อ 1 แต่กำหนดให้โมเดลมีรูปดังนี้

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

เมื่อ $\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ f \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & F\sigma_f^2 \end{bmatrix}$ เมื่อ $\sigma_f^2 = \frac{1}{4}\sigma_d^2$

จงสร้าง parental subclass pedigree และประเมินพันธุกรรมสัตว์ด้วยโมเดลที่กำหนดให้



