

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมสำหรับน้ำหนักแรกเกิด และ น้ำหนักหย่านมของประชากรโคเนื้อลูกผสมระหว่างพันธุ์พื้นเมืองไทย บราห์มัน และชาร์โรเลต์

Estimation of genetic parameters for birth and weaning weights of crossbred cattle among Thai native, Brahman and Charolais population

อารยา เจียรมาศ¹, สกร กุณวุฒิถุทธิธรณ¹, อภิญญา หิรัญวงษ์², ปรีชา อินนุรักษ์³,
และ พรรณวดี โสพรรณรัตน์^{1*}

Arraya Jeanmas¹, Skorn Koonawootrittriron¹, Apinya Hirunwong²,
Preecha Innurak³, and Panwadee Sopannarath^{1*}

บทคัดย่อ: การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะน้ำหนักแรกเกิด (birth weight; BW) และน้ำหนักหย่านม (weaning weight; WW) ของโคเนื้อลูกผสมระหว่างพันธุ์พื้นเมืองไทย บราห์มัน และชาร์โรเลต์ โดยการวิเคราะห์ความแปรปรวนด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) วิเคราะห์ข้อมูลทีละลักษณะด้วยโมเดล 6 แบบ โมเดล 1 ประกอบด้วยอิทธิพลคงที่ได้แก่ เพศ กลุ่มการจัดการ สัดส่วนพันธุ์ของตัวสัตว์ และสัดส่วนพันธุ์ของแม่ และอิทธิพลสุ่ม ได้แก่ อิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมโดยตรง (direct additive genetic effect) และอิทธิพลของความคลาดเคลื่อนสุ่มจากปัจจัยอื่น (residual effect) โมเดล 2 เพิ่มอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมเนื่องจากแม่ (maternal additive genetic effect) ในโมเดล 1 และกำหนดให้ไม่มีความสัมพันธ์ระหว่างระหว่างอิทธิพลของพันธุกรรมแบบบวกสะสมโดยตรงและเนื่องจากแม่ (correlation between direct and maternal additive genetic effect) โมเดล 3 เหมือนโมเดล 2 แต่กำหนดให้มีความสัมพันธ์ระหว่างระหว่างอิทธิพลของพันธุกรรมแบบบวกสะสมโดยตรงและเนื่องจาก

¹ ภาควิชาสัตวบาล คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ 10900

Department of Animal Science, Kasetsart University, Bangkok, Thailand 10900

² ภาควิชาสถิติ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ 10900

Department of Statistics, Faculty of Science, Kasetsart University, Bangkok, Thailand 10900

³ ศูนย์วิจัยและพัฒนาการผลิตรกระบือและโค สถาบันสุวรรณวจากสิกิจเพื่อการค้นคว้าและพัฒนาปศุสัตว์และผลิตภัณฑ์สัตว์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

Buffalo and Beef Production Research and Development Center (BPRDC), Suwanvajokkasikit Animal Research and Development Institute. (SARDI), Kasetsart University

* Corresponding author: agrpds@ku.ac.th

แม่ โมเดล 4 เพิ่มอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรเนื่องจากแม่ (maternal permanent environmental effect) ในโมเดล 2 และโมเดล 5 เพิ่มอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรเนื่องจากแม่ในโมเดล 3 โมเดล 6 เพิ่มอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรเนื่องจากแม่ (maternal permanent environmental effect) ในโมเดล 1 (เฉพาะลักษณะ BW) ผลการศึกษาพบว่า โมเดล 1 ในทั้งสองลักษณะให้ค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรง (h^2) มากที่สุด จากผลการศึกษาในโมเดล 2, 3 และ 6 พบความสัมพันธ์ระหว่างอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมโดยตรงและเนื่องจากแม่และอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรเนื่องจากแม่เมื่อเปรียบเทียบโมเดล 4 และ 5 พบว่าสหสัมพันธ์ระหว่างอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมโดยตรงและเนื่องจากแม่ไม่มีนัยสำคัญ และจากการทดสอบความแตกต่างระหว่างโมเดลด้วย likelihood ratio test พบว่าโมเดล 4 เป็นโมเดลที่มีความเหมาะสมที่สุดทั้งสองลักษณะ โดย h^2 , m^2 และ c^2 ของลักษณะ BW มีค่าเท่ากับ 0.21, 0.07 และ 0.10 ตามลำดับ และ h^2 , m^2 และ c^2 ของลักษณะ WW มีค่าเท่ากับ 0.23, 0.08 และ 0.10 ตามลำดับ (**คำสำคัญ:** น้ำหนักแรกเกิด น้ำหนักหย่านม ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม)

ABSTRACT: This study was to estimate genetic parameters for birth weight (BW) and weaning weights (WW) of crossbred cattle among Thai Native, Brahman and Charolais population. Variance and covariance components were estimated using Restricted Maximum Likelihood (REML). Six different univariate models were employed to estimate genetic parameters. Model 1 included fixed effects of sex, contemporary group, breed fractions of animal and dam and random direct additive genetic effects and residual effects. Model 1 was extended to include maternal genetic effects without (Model 2) or with (Model 3) correlation between direct and maternal genetic effects. Model 4 added maternal permanent environmental effects to Model 2. Model 5 added maternal permanent environmental effects to Model 3. Model 6 added maternal permanent environmental effects to Model 1 (only for BW). Results from Models 2, 3 and 6 showed that direct and maternal additive genetic effects and maternal permanent environmental effects were confounded. Comparing between Models 4 and 5 direct and maternal additive genetic correlations were not significant for both traits. Estimates of direct heritability were highest in Model 1. From likelihood ratio test, Model 4 was the most appropriate for both traits. The estimates of direct and maternal heritabilities and ratio of variance due to maternal permanent environmental effects of Model 4 for BW were 0.21, 0.07 and 0.10, respectively and for WW were 0.23, 0.08 and 0.10, respectively. (**Key Words:** Birth Weight, Weaning Weight, Genetic Parameters)

บทนำ

ลักษณะการเจริญเติบโตในโคเนื้อ เช่น น้ำหนักแรกเกิด (birth weight; BW) และน้ำหนักหย่านม (weaning weight; WW) เป็นลักษณะทางเศรษฐกิจสำคัญที่ใช้ในการโปรแกรมการคัดเลือก และปรับปรุงพันธุ์โคเนื้อ โดยทั่วไปแล้วในการวางแผนการปรับปรุงพันธุ์นั้นไม่ได้มุ่งเน้นการคัดเลือกเพื่อเพิ่มลักษณะน้ำหนักแรกเกิด จะคัดเลือกเพื่อคงระดับของน้ำหนักแรกเกิดให้ไม่น้อยหรือมากเกินไป เพื่อป้องกันปัญหาการคลอดยากในแม่โค แต่จะมุ่งเน้นการคัดเลือกเพื่อเพิ่มน้ำหนักหย่านมเนื่องจากลักษณะทั้งสองเป็นลักษณะปริมาณที่สภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อการแสดงออกของลักษณะ และถูกควบคุมการแสดงออกด้วยอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (additive genetic effect

หรือ breeding value) อิทธิพลทางพันธุกรรมเนื่องจากการข่มกันของยีนในตำแหน่งเดียวกัน (dominance genetic effect) และอิทธิพลทางพันธุกรรมเนื่องจากการข่มกันระหว่างยีนต่างตำแหน่ง (epistatic genetic effect) (Falconer and Mackay, 1996) นอกจากนี้อิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมเนื่องจากแม่ (maternal additive genetic effect) และสภาพแวดล้อมถาวรเนื่องจากแม่ (maternal permanent environmental effect) ก็ยังส่งผลต่อการแสดงออกของลักษณะทั้งสองด้วย (Willham, 1972; Van Vleck, 1993; Mrode, 2005)

ในปัจจุบันเป็นที่ทราบกันดีอยู่แล้วว่าอิทธิพลทางพันธุกรรมเนื่องจากแม่นั้นมีความสำคัญสำหรับลักษณะน้ำหนักแรกเกิด และน้ำหนักหย่านม (Diop et al., 1999) ดังนั้นโมเดลที่ใช้ในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทาง

พันธุกรรมสำหรับน้ำหนักแรกเกิด และน้ำหนักหย่านม จึงประกอบด้วยอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมโดยตรง (direct additive genetic effect) อิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมเนื่องจากแม่ (maternal additive genetic effect) และอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรเนื่องจากแม่ (maternal permanent environmental effect) ลงในโมเดลด้วยเพื่อให้โมเดลมีความเหมาะสมและลดความอคติ (bias) ในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม (Meyer, 1992; Ferreira, et al., 1999) จะเห็นได้ว่า ในการศึกษาโดยส่วนใหญ่เป็นการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมในประชากรที่เป็นพันธุ์แท้พันธุ์เดียวพันธุ์หนึ่งเท่านั้น (Van Vleck, 1993; Sopannarath et al., 2001; Phocas and Laloe, 2004) แต่ในการศึกษาในครั้งนี้เป็นการศึกษาในประชากรโคเนื้อลูกผสม โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาถึงปัจจัยที่มีผลต่อน้ำหนักแรกเกิด และน้ำหนักหย่านม และเปรียบเทียบโมเดลที่เหมาะสมในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมในประชากรโคเนื้อลูกผสมระหว่างพื้นเมืองไทย บราห์มัน และชาร์โรเลส์

วิธีการศึกษา

ข้อมูลที่ใช้ศึกษา

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาเป็นข้อมูลประชากรโคเนื้อพื้นเมืองไทย (Thai Native; N) ลูกผสม 2 สายระหว่างพันธุ์บราห์มัน (Brahman; B) และ N ระหว่างพันธุ์ชาร์โรเลส์ (Charolais; C) และ N และลูกผสม 3 สายพันธุ์ระหว่าง B, C และ N ที่เกิดในช่วงปีพ.ศ. 2523 ถึง 2549 รวบรวมได้จากฝูงโคเนื้อของศูนย์วิจัยและพัฒนาการผลิตกระบือและโค สถาบันสุวรรณวาลจากศึกษาเพื่อการค้นคว้าและพัฒนาปศุสัตว์ และผลผลิตจากสัตว์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์วิทยาเขตกำแพงแสน จังหวัดนครปฐม และจากฟาร์มเกษตรกรอีก 8 ฟาร์ม ข้อมูลที่รวบรวมได้สามารถจัดแบ่งได้เป็น 2 ส่วน คือ 1) ข้อมูลพันธุ์ประวัติ (pedigree file) ซึ่งประกอบด้วยหมายเลขประจำตัวสัตว์ เพศ วัน เดือน ปี เกิด หมายเลขพ่อ พันธุ์พ่อ หมายเลขแม่ พันธุ์แม่ และ

2) ข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับการเจริญเติบโต ซึ่งประกอบไปด้วย วันเดือน ปี ที่ซึ่ง น้ำหนักแรกเกิด และน้ำหนักหย่านม

การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติ

1) ตรวจสอบความถูกต้องของข้อมูลพันธุ์ประวัติ และข้อมูลน้ำหนักก่อนการวิเคราะห์ ฤดูกาลที่เกิดเกิดจำแนกออกได้ 3 ฤดูกาล คือ ฤดูหนาว (พฤศจิกายน ถึง กุมภาพันธ์) ฤดูร้อน (มีนาคม ถึง พฤษภาคม) และ ฤดูฝน (มิถุนายน ถึง ตุลาคม) โดยพิจารณาตามปริมาณน้ำฝน อุณหภูมิ และความชื้นสัมพัทธ์ และนำมาจัดเป็นกลุ่มการจัดการ (contemporary group) โดยพิจารณาจากปัจจัยร่วมระหว่างฟาร์ม ปี และฤดูกาลที่เกิด

ตรวจสอบความเชื่อมโยงของพ่อพันธุ์ระหว่างกลุ่มการจัดการในชุดข้อมูล โดยพิจารณาการปรากฏของพ่อพันธุ์ในแต่ละกลุ่มการจัดการ ข้อมูลที่มีความเชื่อมโยงกันขนาดใหญ่ที่สุดนำมาใช้ในการวิเคราะห์ (Table 1) ทดสอบปัจจัยของอิทธิพลคงที่ (fixed effects) ที่คาดว่าจะมีผลต่อลักษณะ BW และ WW ได้แก่ เพศ กลุ่มการจัดการ อายุเมื่อหย่านม (เฉพาะลักษณะ WW) และอิทธิพลของพันธุ์ ในลักษณะของสัดส่วนของพันธุ์ของตัวสัตว์ และสัดส่วนของแม่พันธุ์

2) วิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวน (variance and covariance component) โดยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) (Patterson and Thompson, 1971) โดยใช้วิธีคำนวณแบบ derivative-free algorithm (Graser et al., 1987) ในโปรแกรม Multiple Trait Derivative-Free Restriction Maximum Likelihood (MTDFREML) (Boldman et al., 1995) โดยทำการวิเคราะห์ทีละลักษณะ (single trait analysis) และประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมโดยมีโมเดลดังนี้

$$\text{โมเดล 1: } y = X_1\beta + X_2g_2 + X_3g_3 + Za + e$$

$$\text{โมเดล 2: } y = X_1\beta + X_2g_2 + X_3g_3 + Za + W_1m + e$$

เมื่อ $\text{cov}(a,m) = 0$

$$\text{โมเดล 3: } y = X_1\beta + X_2g_2 + X_3g_3 + Za + W_1m + e$$

เมื่อ $\text{cov}(a,m) \neq 0$

โมเดล 4:

$$y = X_1\beta + X_2g_2 + X_3g_3 + Za + W_1m + W_2c + e$$

เมื่อ $\text{cov}(a,m) = 0$

โมเดล 5:

$$y = X_1\beta + X_2g_2 + X_3g_3 + Za + W_1m + W_2c + e$$

เมื่อ $\text{cov}(a,m) \neq 0$

โมเดล 6: $y = X_1\beta + X_2g_2 + X_3g_3 + Za + W_2c + e$
เฉพาะลักษณะ BW

เนื่องจากในโมเดล 5 เป็นโมเดลที่สมบูรณ์ที่สุด จึงกำหนดให้

$$E(y) = X\beta + X_2g_2 + X_3g_3$$

และ

$$\text{var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

เมื่อ

y = เวกเตอร์สำหรับลักษณะที่ศึกษา (น้ำหนักแรกเกิด และน้ำหนักหย่านม)

β = เวกเตอร์ของอิทธิพลของปัจจัยคงที่ ได้แก่ กลุ่มการจัดการ เพศ อายุเมื่อ หย่านม (เฉพาะลักษณะน้ำหนักหย่านม)

g_2 = เวกเตอร์ของอิทธิพลของปัจจัยคงที่ของสัดส่วนพันธุ์ของตัวสัตว์ จากพันธุ์ชาร์โรเลส์ และพันธุ์บราห์มัน ที่เบี่ยงเบนไปจากพันธุ์พื้นเมืองไทย

g_3 = เวกเตอร์ของอิทธิพลของปัจจัยคงที่ของสัดส่วนพันธุ์ของแม่ จากพันธุ์ชาร์โรเลส์ และพันธุ์บราห์มัน ที่เบี่ยงเบนไปจากพันธุ์พื้นเมืองไทย

a = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มของพันธุกรรมแบบบวกสะสมโดยตรง (direct additive genetic effect)

m = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มของพันธุกรรมแบบบวกสะสมเนื่องจากแม่ (maternal additive genetic effect)

c = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มของสภาพแวดล้อมถาวรเนื่องจากแม่ (permanent environmental effect)

e = เวกเตอร์ของความคลาดเคลื่อนสุ่มจากปัจจัยอื่นๆ ที่ไม่ได้พิจารณาในโมเดล (residual effect)

X_1, X_2, X_3 = เมทริกซ์ที่เชื่อมโยงความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูลในเวกเตอร์ y ไปยังปัจจัย คงที่ต่างๆ ในเวกเตอร์ β, g_2 และ g_3 ตามลำดับ

Z, W_1, W_2 = เมทริกซ์ที่เชื่อมโยงความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูลในเวกเตอร์ y ไปยังปัจจัยสุ่มต่างๆ ในเวกเตอร์ a, m และ c ตามลำดับ

A = เมทริกซ์ที่แสดงความสัมพันธ์ทางเครือญาติระหว่างสัตว์ในประชากร (numerator relationship matrix)

I = เมทริกซ์ที่ประกอบด้วย 1 ในแนวทแยงมุม (Identity matrix)

σ_a^2 = ความแปรปรวนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมโดยตรง

Table 1. Details of data structure of birth weight (BW) and weaning weight (WW)

Item	BW	WW
No. of animals	3,341	3,341
No. of records	2,243	1,557
No. of sire	195	135
No. of dam	1,124	765
No. of contemporary groups ^{1/}	189	96
Mean $\pm$ standard deviation (kg)	27.01 $\pm$ 6.52	142.70 $\pm$ 37.67

^{1/} contemporary groups = farm x year x season of birth

σ_m^2 = ความแปรปรวนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมเนื่องจากแม่

σ_{am} = ความแปรปรวนร่วมระหว่างอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมโดยตรง และเนื่องจากแม่ (direct-maternal additive genetic covariance)

σ_c^2 = ความแปรปรวนของอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรเนื่องจากแม่

σ_e^2 = ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนสุ่ม

3) ทดสอบความแตกต่างระหว่างโมเดลโดยด้วย likelihood ratio test โดยพิจารณาจากความแตกต่างของค่า $-2\log L$ ของโมเดลที่นำมาเปรียบเทียบกัน เปรียบเทียบกับการกระจายตัวแบบไคสแควร์ ที่มี degree of freedom (df) เท่ากับความแตกต่างของจำนวนขององค์ประกอบของความแปรปรวน และความแปรปรวนร่วม (variance and covariance) ถ้าค่า $-2\log L$ แตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ ($P>0.05$) จะเลือกโมเดลที่มีจำนวนองค์ประกอบของความแปรปรวน และความแปรปรวนร่วมน้อยกว่า (Dobson, 1990)

ผลการศึกษา

ลักษณะ BW และ WW ของประชากรที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 27.01 ± 6.52 และ 142.70 ± 37.67 กิโลกรัม ตามลำดับ จากการศึกษาอิทธิพลของปัจจัยคงที่พบว่า เพศ กลุ่มการจัดการอายุเมื่อหยานม และอิทธิพลของพันธุ์ ในลักษณะของสัดส่วนของพันธุ์ต่างๆ (breed fraction) ได้แก่ สัดส่วนของพันธุ์ต่างๆ ของตัวสัตว์ และของแม่พันธุ์ ที่มีอิทธิพลอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติต่อลักษณะ BW และ WW ($P<0.01$)

ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของน้ำนมแรกเกิด

ค่าความแปรปรวน ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรม และค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของ BW แสดงใน Table 2 ค่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ ($\hat{\sigma}_p^2$) โมเดล 1 มีค่าสูงที่สุด (25.00 กก²)

และมีค่าลดลงเมื่อเพิ่มอิทธิพลสุ่มอื่นๆ ในโมเดล โดยในโมเดล 2 ถึง 6 มีค่า $\hat{\sigma}_p^2$ ใกล้เคียงกัน (24.10-24.60 กก²) ซึ่งค่า $\hat{\sigma}_p^2$ ที่ประมาณได้ในการศึกษาครั้งนี้มีค่าสูงกว่าการศึกษาในประชากรพันธุ์แท้พันธุ์ต่างๆ (เกชา และคณะ, 2542; Meyer, 1992; Diop et al., 1999; Ferreira et al., 1999; Phocas and Laloe, 2004) เมื่อพิจารณาค่า $\hat{\sigma}_m^2$ ในโมเดล 1 มีค่าสูงที่สุด (11.43 กก²) และมีค่าลดลงอย่างชัดเจนในโมเดล 2-6 (5.00-6.38 กก²) ในขณะที่ค่า $\hat{\sigma}_m^2$ ในโมเดล 2 และ 3 และโมเดล 4 และ 5 มีค่าใกล้เคียงกัน แสดงให้เห็นว่าสหสัมพันธ์ระหว่างอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมโดยตรงและเนื่องจากแม่ (r_{am}) ไม่มีนัยสำคัญ (พิจารณาได้จากค่าความแตกต่างของ likelihood ratio test) แต่เป็นไปในทางลบ (-0.12 และ -0.11) ซึ่งค่าที่ได้เป็นไปในทิศทางเดียวกันกับการศึกษาของ เกชา และคณะ (2542); สมพร (2546); วุฒิพงษ์ และคณะ (2550); Meyer (1992); Eler et al. (1995) และ Phocas and Laloe (2004) และเมื่อพิจารณาค่า $\hat{\sigma}_c^2$ ในโมเดล 4 และ 5 (1.75 และ 1.28 กก²) มีค่าลดลงเมื่อเทียบกับโมเดล 2 และ 3 (4.32 และ 4.38 กก²) และค่า $\hat{\sigma}_c^2$ ในโมเดล 4 และ 5 (2.43 และ 2.95 กก²) มีค่าลดลงเมื่อเทียบกับโมเดล 6 (3.71 กก²) ที่พิจารณาเฉพาะอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรเนื่องจากแม่ แสดงให้เห็นว่าอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมเนื่องจากแม่นั้นมีอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรเนื่องจากแม่ปะปนอยู่ ถึงแม้ว่าไม่มีนัยสำคัญของอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรเนื่องจากแม่ในลักษณะ BW เมื่อมีอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมเนื่องจากแม่อยู่ในโมเดล (พิจารณาได้จากค่าความแตกต่างของ likelihood ratio test) นอกจากนี้เมื่อพิจารณาค่า $\hat{\sigma}_e^2$ ที่ได้จากโมเดล 6 มีค่ามากกว่าโมเดล 2-5 ที่มีอิทธิพลทางพันธุกรรมเนื่องจากแม่อยู่ในโมเดล แสดงให้เห็นว่าการไม่ได้พิจารณาอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมเนื่องจากแม่ในโมเดลนั้นทำให้ $\hat{\sigma}_e^2$ ที่ได้นั้นมีอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมเนื่องจากแม่ปะปน

จากโมเดล 2, 3 และ 6 นั้นจึงสามารถสรุปได้ว่าในประชากรชุดนี้อิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวก

Table 2. Estimates of (co) variance components (kg^2) and genetic parameters for birth weight

parameters ¹	Model					
	1	2	3	4	5	6
$\hat{\sigma}_p^2$	25.00	24.32	24.29	24.10	24.22	24.60
$\hat{\sigma}_a^2$	11.43	5.00	6.08	5.10	6.38	7.27
$\hat{\sigma}_m^2$	-	4.32	4.38	1.75	1.28	-
$\hat{\sigma}_{am}$	-	-	-0.61	-	-0.33	-
$\hat{\sigma}_c^2$	-	-	-	2.43	2.95	3.71
$\hat{\sigma}_e^2$	13.57	15.00	14.44	14.82	13.94	13.61
-2logL	8,826.36	8,804.84	8,804.70	8,803.24	8,803.43	8,804.38
$\hat{h}^2$	0.46 (0.06) ²	0.21 (0.06)	0.25 (0.08)	0.21 (0.06)	0.26 (0.08)	0.30 (0.07)
$\hat{m}^2$	-	0.18 (0.04)	0.18 (0.07)	0.07 (0.07)	0.05 (0.09)	-
$\hat{r}_{am}$	-	-	-0.12 (0.36)	-	-0.11 (0.60)	-
$\hat{c}^2$	-	-	-	0.10 (0.07)	0.12 (0.07)	0.15 (0.03)
$\hat{e}^2$	0.54 (0.06)	0.62 (0.05)	0.59 (0.06)	0.62 (0.05)	0.58 (0.06)	0.55 (0.05)
Difference						
-2LogL ^{3*}	22.93	1.41	1.27	-0.19	0	0.95

¹ $\hat{\sigma}_p^2$ = phenotypic variance, $\hat{\sigma}_a^2$ = direct genetic variance, $\hat{\sigma}_m^2$ = maternal genetic variance, $\hat{\sigma}_{am}$ = direct-maternal genetic covariance, $\hat{\sigma}_c^2$ = maternal permanent environmental variance, $\hat{\sigma}_e^2$ = residual error variance, $\hat{h}^2$ = direct heritability, $\hat{m}^2$ = maternal heritability, $\hat{r}_{am}$ = direct and maternal genetic correlation, $\hat{c}^2$ = fraction of variance due to maternal permanent environmental effect, $\hat{e}^2$ = fraction of variance due to residual error and -2logL = negative two log Likelihood function

² Numbers in bracket refer to standard error

³ -2 log L as deviation from Model 5.

* Critical values are: $\chi^2_{.05, df 1} = 3.84$, $\chi^2_{.05, df 2} = 5.99$, $\chi^2_{.05, df 3} = 9.21$

สะสมโดยตรงและเนื่องจากแม่ และอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรเนื่องจากแม่มีความพัวพันกันอยู่ เมื่อไม่พิจารณาปัจจัยใดปัจจัยหนึ่งจึงทำให้ความแปรปรวนที่ประมาณได้มีค่ามากกว่าความเป็นจริงและเมื่อพิจารณาจากค่า -2logL ของโมเดล 4 พบว่ามีค่าต่ำที่สุด (8,803.24) แต่ไม่มีนัยสำคัญเมื่อเปรียบเทียบกับโมเดล 5 ซึ่งเป็นโมเดลที่มีความสมบูรณ์มากที่สุด ดังนั้นโมเดลที่มีความเหมาะสมมากที่สุดสำหรับลักษณะ BW คือ โมเดล 4 โดยมีค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรง ($\hat{h}^2$) เท่ากับ 0.21 ค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากแม่ ($\hat{m}^2$) เท่ากับ 0.07 และค่าสัดส่วนความแปรปรวนของอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรเนื่องจากแม่ ($\hat{c}^2$) เท่ากับ 0.10 ซึ่งค่า $\hat{h}^2$ ที่ประมาณใกล้เคียงกับการศึกษาของ กิตติ (2546); สมพร (2546) และวุฒิพงษ์ และคณะ

(2550) ที่ทำการศึกษาในโคพันธุ์บราห์มัน และโคพื้นเมืองไทย (0.19-0.38)

ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของน้ำหนักหย่านม

ค่าความแปรปรวน ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรม และค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะ WW แสดงใน Table 3 ค่า $\hat{\sigma}_p^2$ ในโมเดล 1 และ 2 มีค่าใกล้เคียงกัน (766.17 และ 762.00 กก²) และมีค่าลดลงในโมเดล 3 4 และ 5 (756.80, 740.00 และ 764.23 กก²) ซึ่งค่า $\hat{\sigma}_p^2$ ที่ประมาณได้ในการศึกษานี้มีค่าต่ำกว่าการศึกษาของ Meyer (1992) ที่ศึกษาในโคพันธุ์เฮียฟอร์ด แต่ให้ค่าสูงกว่าการศึกษาของ Dodenhoff et al. (1999); Ferreira et al. (1999); Sopannarath (2002)

การเพิ่มความสัมพันธ์ระหว่างอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมโดยตรงและอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมเนื่องจากแม่ (โมเดล 3) และเพิ่มอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรเนื่องจากแม่ (โมเดล 4) นั้น ส่งผลให้ได้โมเดลที่ได้มีความเหมาะสมมากขึ้นอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ

ค่า $\hat{r}_{am}$ ในโมเดล 3 และ 5 มีค่าสหสัมพันธ์ไปในทางลบ (-0.54 และ -0.62) สอดคล้องกับหลายการศึกษา (Meyer, 1992; Meyer, 1997; Diop et al., 1999; Mattos et al., 2000; Sopannarath, 2002) หากจะทำการคัดเลือกโคเนื้อเพื่อนำไปใช้เป็นพ่อ หรือแม่พันธุ์ ควรมีการคัดเลือกไปพร้อมๆ กันระหว่างอิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรง (breeding value) และอิทธิพลจากแม่ (milking ability) เพื่อให้ได้พ่อ และแม่พันธุ์ที่ให้ลูกที่มีลักษณะการเจริญเติบโตที่ดี (Koch, 1972; Kirkpatrick and Lande, 1989) แต่อย่างไรก็ตามจากการศึกษาครั้งนี้พบว่าในโมเดล 5 นั้น ถึงแม้ว่าจะให้ค่า $-2\log L$ ต่ำสุด แต่ไม่มีนัยสำคัญเมื่อเปรียบเทียบกับโมเดล 4

จากค่า $-2\log L$ เมื่อนำมาเปรียบเทียบความแตกต่างระหว่างโมเดลด้วย likelihood ratio test พบว่าโมเดล 3 และ 4 มีความเหมาะสมมากที่สุดสำหรับลักษณะ WW โดยค่า likelihood ratio แตกต่างจากโมเดล 2 อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ แต่เนื่องด้วยไม่สามารถเปรียบเทียบทางสถิติได้ระหว่างโมเดลที่ 3 และ 4 จึงพิจารณาจากค่า $-2\log L$ ที่น้อยกว่า ซึ่งโมเดล 4 มีค่า $-2\log L$ น้อยกว่าโมเดล 3 เล็กน้อย และจากโมเดล 4 ค่า h^2 , m^2 และ c^2 ของลักษณะ WW มีค่าเท่ากับ 0.23, 0.08 และ 0.10 ตามลำดับ

สรุป

ผลจากการวิเคราะห์ข้อมูลที่ละลักษณะของลักษณะ BW และ WW โดยทำการศึกษาในโมเดล 6 แบบพบว่าค่าประมาณอัตราพันธุกรรมโดยตรงของทั้งสองจะมีค่ามากกว่าความเป็นจริงในกรณีที่ไม่ได้ใส่อิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมเนื่องจากแม่และอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรเนื่องจากแม่ลงในโมเดล

สหสัมพันธ์ระหว่างอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมโดยตรงและเนื่องจากแม่มีอิทธิพลอย่างไม่มีนัยสำคัญทางสถิติทั้งสองลักษณะ การเพิ่มอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรเนื่องจากแม่ส่งผลให้อัตราพันธุกรรมแบบบวกสะสมเนื่องจากแม่มีค่าลดลง ดังนั้นโมเดล 4 จึงเป็นโมเดลที่เหมาะสมที่สุดสำหรับลักษณะทั้งสองลักษณะ แต่อย่างไรก็ตามจากการศึกษาครั้งนี้พบว่า $\hat{r}_{am}$ ของทั้งสองลักษณะไม่มีนัยสำคัญแต่มีค่าเป็นลบ ดังนั้นหากจะทำการคัดเลือกโคเนื้อเพื่อนำไปใช้เป็นพ่อ หรือแม่พันธุ์ ควรจะต้องระมัดระวังและมีการพิจารณาค่าอิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรงและเนื่องจากแม่ไปพร้อมๆ กันเพื่อให้ได้พ่อ และแม่พันธุ์ที่เหมาะสมสำหรับการสร้างแม่พันธุ์ทดแทนในฝูง

เอกสารอ้างอิง

- กิตติ อรรถชาติ. 2546. การจำแนกกลุ่มสายพันธุ์และการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตและสัดส่วนของร่างกายในโคพื้นเมืองไทย. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- เกษรา คูหา Hans-Ulrich Graser David Johnston และศรเทพ ธัมวาสร. 2542. องค์ประกอบความแปรปรวน (ร่วม) สำหรับน้ำหนักแรกเกิดและหย่านมโคซอร์ทิซอร์นในออสเตรเลียและอเมริกา, น. 65-73. ในรายงานการประชุมทางวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 42 (สาขาสัตวศาสตร์สาขาสัตวแพทยศาสตร์), กรุงเทพฯ.
- วุฒิพงษ์ อินทรธรรม ศกร คุณวุฒิฤทธิธน พรรณวดี ไสพรรณรัตน์ และศรเทพ ธัมวาสร. 2550. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมสำหรับน้ำหนักแรกเกิดและหย่านมของโคพื้นเมืองไทยสายภาคตะวันออกเฉียงเหนือ, น. 87-94. ใน รายงานการประชุมทางวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 45 (สาขาสัตวศาสตร์สาขาสัตวแพทยศาสตร์), กรุงเทพฯ.
- สมพร โชคเจริญ. 2546. การประเมินค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะการเจริญเติบโตในโคบราห์มันด้วยการวิเคราะห์ที่ละลักษณะและหลายลักษณะโดยใช้ BLUP. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- Boldman, K.G., L.A., Kriese, L.D., Van Vleck, C.P., Van Tassell and S.D. Kachman. 1995. A manual for use of MTDREML. A Set of Programs to Obtain Estimates of Variance and Covariance. USDA, ARS, Clay center, NE.

- Diop, M., J. Dodenhoff and L.D., VanVleck. 1999. Estimates of direct, maternal and grandmaternal genetic effects for growth traits in Gobra cattle. *Genet. and Mol. Biol.* 22:363-367.
- Dobson, A.J. 1990. *An Introduction to Generalized Linear Models.* Chapman and Hall, New York.
- Dodenhoff, J., L. D. Van Vleck and K.E. Gregory. 1999. Estimation of direct, maternal, and grandmaternal genetic effects of beef cattle. *J. Anim. Sci.* 77:840-845.
- Eler, J. P., L. D. Van Vleck, J.B.S. Ferraz and R. B. Lôbo. 1995. Estimation of variances due to direct and maternal effects for growth traits of Nelore cattle. *J. Anim. Sci.* 73:3253-3258.
- Falconer, D.S. and T.F.C. Mackay. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics.* 4th Ed. Longman Group Ltd., London.
- Ferreira, G, B., M. D. MacNeil and L.D. Van Vleck. 1999. Variance components and breeding values for growth traits from different statistical models. *J. Anim.Sci.* 77:2641-2650.
- Graser, H.U., S.P., Smith and B. Tier. 1987. A derivative-free approach for estimating variance component in animal models by restricted maximum likelihood. *J. Animal. Sci.* 64:1362-1370.
- Kirkpatrick, M. and R. Lande. 1989. The evolution of maternal characters. *Evolution.* 43:485-503.
- Koch, R. M. 1972. The role of maternal effects in animal breeding.VI. Maternal effects in beef cattle. *J. Anim. Sci.* 35:1316-1323.
- Mattos, D., I. Misztal and J. K. Bertrand. 2000. Variance and covariance components for weaning weight for Herefords in three countries. *J. Anim. Sci.* 78:33-37.
- Meyer, K. 1992. Variance components due to direct and maternal effect for growth traits of Australian beef cattle. *Livest. Prod. Sci.* 31:179-204.
- Meyer, K. 1997. Estimates of parameters for weaning weight of beef cattle accounting for direct-maternal environmental covariances. *Livest. Prod. Sci.* 52:187-199.
- Mrode, R.A. 2005. *Linear Model for the Prediction of Animal Breeding Value.* 2nd Ed. Cromwell Press, Trowbridge.
- Patterson, H.D. and R. Thomson. 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika.* 58:545-554.
- Phocas, F. and D, Laloe. 2004. Genetic parameters for birth and weaning traits in French Specialized beef cattle breed. *Livest. Prod. Sci.* 89:121-128.
- Sopannarath, P., J. K. Bertrand, L. D. Van Vleck and S.Tumwasorn. 2001. Comparison of models for estimating direct and maternal genetic effects for weaning weight of Hereford cattle. *J. Anim. Sci.* 79:42.
- Sopannarath, P. 2002. Estimation of Direct and Marternal (Co) Variance Component for Weaning Weight in Hereford Cattle. Ph.D. Thesis, Karsetsart University, Bangkok.
- Van Vleck, L. D. 1993. *Selection Index and Introduction to Mixed Model Methods.* CRC Press, Inc. Boca Raton, Florida.
- Willham, R. L. 1972. The role of maternal effects in animal breeding: III. Biometrical aspects of maternal effects in animal. *J. Anim. Sci.* 35:1288-1293.