

การประเมินพันธุกรรมของสัตว์ ประกอบด้วยการประมาณอิทธิพลของปัจจัยคงที่ และการประเมินความแปรปรวนจากตัวสัตว์ และความคลาดเคลื่อนอื่น ๆ เพื่อใช้ทำนายค่าการผสมพันธุ์สำหรับการคัดเลือก การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อ ศึกษาความเหมาะสมของการปรับปัจจัยคงที่เนื่องจากอายุแม่เมื่อคลอดลูกแบบเป็นกลุ่มปี แบบรีเกรซชันเส้นตรง แบบรีเกรซชันเส้นโค้ง ร่วมกับการปรับปัจจัยสุ่มเนื่องจากอิทธิพลร่วมระหว่างฝูงการจัดการและพ่อพันธุ์ (hs^2) และเปรียบเทียบวิธีการวิเคราะห์ที่ลักษณะกับวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ โคBRAห์มันจำนวน 18,928 ตัว ของกรมปศุสัตว์ ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2521- 2544 ถูกนำมาวิเคราะห์ในการศึกษาครั้งนี้ ทำการประมาณค่าความแปรปรวนและค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม โดยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) ทำนายค่าการผสมพันธุ์และผลตอบแทนของการคัดเลือกโดยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 PC-PAK 2.0 โดยมีลักษณะที่ศึกษา ได้แก่ น้ำหนักตัว ความสูงลำตัว ความยาวลำตัว และความยาวรอบอกเมื่อแรกเกิด เมื่อหย่านม และเมื่ออายุ 1 ปี (400 วัน) อัตราการเจริญเติบโตช่วงก่อน และหลังหย่านม

ผลการศึกษาพบว่า การปรับอายุแม่เมื่อคลอดลูกทั้งสามแบบ ให้ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมใกล้เคียงกัน ส่วนการประเมิน hs^2 พบว่ามีสัดส่วนประมาณ 1-4 % และเมื่อสัดส่วนมากขึ้นจะส่งผลให้ค่าอัตราพันธุกรรมที่เป็นอิทธิพลจากยีนโดยตรง (h^2) อัตราพันธุกรรมที่เป็นอิทธิพลจากยีนที่ผ่านทางแม่ (m^2) และสหสัมพันธ์ระหว่างอิทธิพลจากยีนโดยตรงและที่ผ่านทางแม่ (r_{um}) ลดลง สำหรับการวิเคราะห์ที่ลักษณะและหลายลักษณะให้ค่าประมาณพารามิเตอร์ ค่าการผสมพันธุ์ และผลตอบแทนการคัดเลือกใกล้เคียงกัน โดยพบว่าค่า h^2 ที่ประมาณได้ของน้ำหนักแรกเกิด น้ำหนักหย่านม และน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปี เท่ากับ 0.35, 0.18 และ 0.11 ตามลำดับ ค่า m^2 ของน้ำหนักหย่านมเท่ากับ 0.05, ค่า h^2 ของสัดส่วนร่างกายเมื่อแรกเกิด มีค่าตั้งแต่ 0.13 ถึง 0.22, เมื่อหย่านม มีค่าตั้งแต่ 0.07 ถึง 0.12 และเมื่ออายุ 1 ปี มีค่าตั้งแต่ 0.11 ถึง 0.15, ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ ระหว่างน้ำหนักแรกเกิด น้ำหนักหย่านม และน้ำหนักเมื่ออายุ 1 ปี มีค่าตั้งแต่ 0.60 - 0.75 และ 0.27-0.67 ตามลำดับ อย่างไรก็ตามการวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะจะมีความเหมาะสมกว่าในการนำไปใช้ เนื่องจากมีการปรับด้วยค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ

Animal genetic evaluation composed with the estimation of fixed effect and animal genetic variance for prediction of breeding value and selection. The purposes of this study were to: 1) adjust age of dam using year classification, linear regression and quadratic regression including herd-sire interaction (hs^2), and 2) compare the parameter estimates using single trait and multiple trait analysis. 18,928 pedigree animal of Brahman from Department of Livestock Development (DLD) from 1978 to 2001 were used in this study. Genetic parameters were estimated by Restriction Maximum Likelihood (REML). Breeding value and genetic trend were predicted by Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) using BULPF90 PC-PAK 2.0 program. Traits used in the analysis were weight, hip height, length (shoulder to pin), and hearth girth at birth, weaning, and yearling (400 days), pre-weaning and post-weaning gain.

The results of this study show that three methods of age of dam adjustment gave similar estimates of genetic parameters. Herd-sire interaction variance was about 1-4 % of total variance. In addition, the increase of the herd-sire interaction effect was downward affected to direct heritability, maternal heritability and direct-maternal genetic relationship. This study also showed that single trait and multiple trait analysis were slightly different on genetic parameter estimation, breeding value and selection response prediction. The estimates of direct heritability (h^2) on birth weight, weaning weight and yearling weight were 0.35, 0.18 and 0.11, respectively; maternal heritability (m^2) for weaning weight was 0.05; direct heritability of body measurement (hip height, shoulder to pin, and herd girth) on birth, weaning and yearling were 0.13-0.22, 0.07-0.12 and 0.11-0.15, respectively; direct heritability of pre and post-weaning gain were 0.18 and 0.09, respectively. Genetic and phenotypic correlation between birth weight, weaning weight and yearling weight were 0.60-0.75 and 0.27-0.67, respectively. However, the analysis using multiple trait approach might be more appropriate for practical implementation since it accounted for correlation between traits in the model.