

บทที่ 2

ทฤษฎีพื้นฐานการประมาณค่าการผสมพันธุ์

ทฤษฎีพื้นฐานการประมาณค่าการผสมพันธุ์

สิ่งสำคัญประการหนึ่งในการพัฒนาปรับปรุงพันธุ์โคนมและปศุสัตว์อื่นๆ ก็คือ ความถูกต้องและแม่นยำในการคัดเลือกสัตว์ตัวที่มีความสามารถทางพันธุกรรมสูงที่สุดเพื่อใช้เป็นพ่อและแม่พันธุ์ในการผลิตลูกในชั่วต่อไป โดยลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจของปศุสัตว์ซึ่งควรเน้นในการพัฒนาปรับปรุงมักเป็นลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยยีนหลายคู่ หรือที่ทราบกันดีก็คือ ลักษณะเชิงปริมาณ โดยปกติลักษณะเชิงปริมาณนี้สภาพแวดล้อม (environmental) จะมีอิทธิพลอย่างมากต่อการแสดงออกของสัตว์ หรือกล่าวอีกนัยหนึ่งได้ว่า สิ่งแวดล้อม (การจัดการฟาร์ม) จะมีผลต่อลักษณะการแสดงออกของสัตว์มากกว่าอิทธิพลของพันธุกรรม ดังนั้นกลยุทธ์ในการปรับปรุงพันธุกรรมในฝูงปศุสัตว์ก็คือ การแยกอิทธิพลอันเนื่องมาจากพันธุกรรมออกจากอิทธิพลของสิ่งแวดล้อม โดยลักษณะที่เกิดจากการจัดการหรืออิทธิพลของสภาพแวดล้อมไม่สามารถที่จะถ่ายทอดไปสู่รุ่นลูกได้ ขณะที่ลักษณะที่เกิดเนื่องจากพันธุกรรมสามารถถ่ายทอดต่อไปได้

ลักษณะปรากฏหรือลักษณะที่แสดงออก (phenotypic value) ของสัตว์แต่ละตัวจะมีผลเนื่องมาจากอิทธิพลของพันธุกรรม (genotype) ซึ่งเกิดเนื่องมาจากการเข้าคู่กันของยีน (particular assemblage of genes) และอิทธิพลที่ไม่เกี่ยวเนื่องกับพันธุกรรม (non - genetic) หรืออิทธิพลของสภาพแวดล้อม (Falconer and Mackay , 1996) ดังนั้นทุกๆ ค่าสังเกตของการแสดงออกของสัตว์สามารถอธิบายได้ดังสมการ

$$\text{Phenotypic observation} = \text{environmental effects} + \text{genetic effects} + \text{residual effects}$$

หรือ ในรูปแบบที่เสนอโดย Mrode (1996)

$$y_{ij} = \mu_i + g_i + e_{ij} \quad \text{----- (2.1)}$$

เมื่อ y_{ij} = ค่าสังเกตที่ j ของสัตว์ตัวที่ i
 μ_i = อิทธิพลของปัจจัยคงที่ (fixed effect) หรืออิทธิพลของสภาพแวดล้อม เช่น การจัดการ ปีที่สัตว์เกิด หรือเพศของสัตว์ตัวที่ i

$$g_i = \text{อิทธิพลของพันธุกรรมซึ่งประกอบไปด้วยยีนบวกสะสม (additive, } g_a) \text{ ยีนแบบข่ม (dominance, } g_d) \text{ และอิทธิพลของยีนที่ต่างตำแหน่ง (epistatic, } g_e)$$

$$e_{ij} = \text{เป็นผลรวมของความคลาดเคลื่อนเนื่องจากสัตว์ตัวที่ } i$$

ยีนบวกสะสม เป็นค่าเฉลี่ยอิทธิพลของยีนที่สัตว์ได้รับการถ่ายทอดจากบรรพบุรุษ (พ่อ - แม่) หรือนิยมเรียกว่า ค่าการผสมพันธุ์ โดยที่พ่อและแม่จะถ่ายทอดยีนอย่างละครึ่งไปสู่ลูก และค่าเฉลี่ยของการถ่ายทอดยีนจากพ่อหรือแม่ไปสู่ลูกจะเรียกว่า ความสามารถในการถ่ายทอด (transmitting ability) โดยมีค่าเท่ากับครึ่งหนึ่งของค่าการผสมพันธุ์ของพ่อหรือแม่ ค่าของยีนบวกสะสมหรือค่าการผสมพันธุ์เป็นส่วนที่มีความสำคัญในแผนการคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ส่วนอิทธิพลของการข่มของยีน (ในตำแหน่ง locus เดียวกัน , intralocus) และอิทธิพลของยีนต่างตำแหน่ง (interlocus) จะมีความสำคัญน้อยมากในแผนการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ดังนั้นสามารถนำมารวมไว้ในส่วนของ e_{ij} และเขียนสมการได้ใหม่ดังนี้

$$y_{ij} = \mu_i + g_i + e_{ij}^* \quad \text{----- (2.2)}$$

เมื่อกำหนดให้ e_{ij}^* คือผลรวมของความคลาดเคลื่อน อิทธิพลของยีนแบบข่มและอิทธิพลของยีนต่างตำแหน่ง จากสมการที่ (2.2) ซึ่งเป็นแบบหุนเชิงเส้น (linear model) ที่ใช้ในการคำนวณหาค่าการผสมพันธุ์ โดยมีข้อกำหนด (assumption) ว่า y จะมีการกระจายแบบปกติ (multivariate normal distribution) ถูกควบคุมด้วยยีนหลายคู่ ต้องทราบความแปรปรวนของยีนบวกสะสม ($Var(g_{ai})$) และความแปรปรวนของ ($Var(e_{ij}^*)$) หรืออย่างน้อยต้องทราบสัดส่วนของความแปรปรวนทั้งสอง ไม่มีความแปรปรวนร่วม (covariance) ระหว่าง g_{ai} กับ e_{ij}^* ($Cov(g_{ai}, e_{ij}^*) = 0$) และระหว่าง e_{ij}^*, e_{ik}^* ($Cov(e_{ij}^*, e_{ik}^*) = 0$) และต้องทราบค่า μ โดยที่ μ คือค่าเฉลี่ยของการแสดงออกของสัตว์ที่ได้รับการจัดการในสภาพแวดล้อมที่เหมือนกัน เพศเดียวกันและอายุที่เท่ากัน จากที่กล่าวมาข้างต้นสามารถอธิบายค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์ตัวที่ i (a_i) ได้อย่างง่าย ๆ คือ

$$a_i = g_{ai} = \frac{1}{2}a_s + \frac{1}{2}a_d + m_i$$

เมื่อ a_s และ a_d คือค่าการผสมพันธุ์ของพ่อและแม่ตามลำดับ และ m_i เป็นค่าเบี่ยงเบนของค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์ตัวที่ i ที่เบี่ยงเบนไปจากค่าการผสมพันธุ์เฉลี่ยของทั้งพ่อและแม่หรือ

ที่เรียกว่า Mendelian sampling อันเนื่องมาจากการแยกตัวของอัลลีล (Segregation of alleles) และการรวมตัวกันอย่างอิสระของยีน (Independent assortment of different genes) ตามกฎข้อที่ 1 และ ข้อที่ 2 ของเมนเดล (Lewin , 1994)

ความแม่นยำในการหาค่าการผสมพันธุ์ เป็นส่วนสำคัญที่ช่วยให้แผนการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ประสบผลสำเร็จตามที่ตั้งเป้าหมายไว้ โดยที่ความแม่นยำในการหาค่าการผสมพันธุ์จะขึ้นอยู่กับชนิดและจำนวนของข้อมูลที่ใช้ในการประเมิน ในหัวข้อต่อไปจะขอกล่าวถึงวิธีการประเมินค่าการผสมพันธุ์โดยใช้แหล่งของข้อมูลต่างๆ เช่น การใช้บันทึกข้อมูลของตัวสัตว์เอง การใช้บันทึกข้อมูลของลูกสาว การใช้บันทึกข้อมูลของบรรพบุรุษ การใช้บันทึกข้อมูลจากญาติพี่น้อง และ การใช้บันทึกข้อมูลจากหลายแหล่งร่วมกัน

1. การหาค่าการผสมพันธุ์จากบันทึกของตัวสัตว์เอง

ลักษณะบางลักษณะในปศุสัตว์เป็นลักษณะที่สามารถสังเกตเห็นได้โดยตรงจากการแสดงออกของสัตว์ เช่น ลักษณะการเจริญเติบโต รูปร่างลักษณะร่างกาย ประสิทธิภาพการใช้อาหาร หรือการให้ผลผลิตน้ำนมของแม่โคนม การคัดเลือกสัตว์ไว้ทำพันธุ์โดยมุ่งเน้นลักษณะต่างๆ ที่กล่าวมานี้ สามารถทำได้โดยการเปรียบเทียบลักษณะปรากฏของสัตว์ที่บันทึกไว้ ซึ่งเป็นวิธีการคัดเลือกที่ง่ายที่สุด โดยจัดการให้สัตว์อยู่ในสภาพแวดล้อมและการจัดการที่เหมือนกัน และทำการเปรียบเทียบลักษณะที่แสดงออก โดยในบางครั้งอาจเรียกว่า การทดสอบสมรรถภาพ (Performance test) การประเมินค่าการผสมพันธุ์โดยการดูบันทึกของตัวสัตว์เอง จะสามารถแยกได้เป็น 2 กรณี คือ กรณีที่สัตว์มีเพียง 1 บันทึก และกรณีที่สัตว์มีบันทึกมากกว่า 2 บันทึกขึ้นไป

1.1 การคัดเลือกโดยดูบันทึกของตัวสัตว์เองกรณีที่มีเพียง 1 บันทึก (single record)

ในกรณีที่ลักษณะการแสดงออกของสัตว์ในแต่ละตัวมีเพียงบันทึกเดียว การประมาณค่าการผสมพันธุ์ (\hat{a}_i) ของสัตว์ตัวที่ i สามารถหาได้จากสมการที่ (2.3)

$$\hat{a}_i = b(y_i - \mu) \quad \text{----- (2.3)}$$

เมื่อ b คือสัมประสิทธิ์รีเกรสชัน (regression coefficient) ของ a ต่อ y (เนื่องจากใช้ y ประมาณค่า a)

$$b = Cov(a, y) / Var(y) = Cov(a, a + e) / Var(y)$$

(เนื่องจาก Expected ของ e $E(e) = 0$)

$$\begin{aligned} &= \sigma_a^2 / \sigma_y^2 \\ &= h^2 \end{aligned}$$

จากสมการที่ (2.3) สามารถเขียนสมการที่ใช้ในการหาค่าการผสมพันธุ์ได้ใหม่เป็น

$$\hat{a} = h^2(y_i - \mu)$$

ความแม่นยำ (accuracy) ในการคัดเลือกจะมีค่าเท่ากับรากที่ 2 ของความสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ที่แท้จริงกับค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้ (Wilink and Dommerholt , 1983) ซึ่งนิยมเรียกว่า reliability หรือ repeatability (r^2)

$$\begin{aligned} r_{a,y} &= Cov(a,y) / \sigma_a \sigma_y \\ &= \sigma_a^2 / (\sigma_a \sigma_y) \\ &= h \end{aligned}$$

ส่วนผลตอบแทนของการคัดเลือก (selection response, R) ของสัตว์เพียง 1 รุ่นที่จะมีค่าเท่ากับ

$$R = ih^2\sigma_y \quad ; \quad \text{เมื่อ } h = \sigma_a / \sigma_y \text{ จะได้}$$

$$R = ih\sigma_a$$

เมื่อกำหนดให้ i เป็นความเข้มข้นในการคัดเลือก (selection intensity) (Falconer and Mackay , 1996) ส่วนค่าความแปรปรวนของค่าการผสมพันธุ์ ($Var(a_i)$) จะมีค่าเท่ากับ

$$\begin{aligned} Var(a_i) &= Var(by) = Var(h^2y) \\ &= h^4 \sigma_y^2 \\ &= r_{a,y}^2 h^2 \sigma_y^2 \quad ; \quad (h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_y^2}) \end{aligned}$$

$$= r_{a,y}^2 \sigma_a^2 \text{-----}(2.4)$$

1.2 ในกรณีที่มีบันทึกซ้ำ (repeated records)

ลักษณะบางลักษณะของสัตว์สามารถแสดงออกได้หลายครั้งในชั่วชีวิตหนึ่ง เช่น ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม โปรตีน ไขมันในน้ำนมของโคนม จำนวนลูกต่อครอกของแม่สุกร เป็นต้น การนำบันทึกการแสดงออกของสัตว์ตลอดชั่วอายุของสัตว์มารวบรวมพิจารณาช่วยให้การประเมินค่าการผสมพันธุ์มีความแม่นยำมากขึ้น ในการประเมินค่าการผสมพันธุ์ในกรณีที่มีบันทึกซ้ำอาจหาได้โดยใช้ค่าเฉลี่ยบันทึกของสัตว์แต่ละตัว โดยที่ทราบกันแล้วว่าการแสดงออกของสัตว์จะขึ้นอยู่กับอิทธิพลของพันธุกรรม และอิทธิพลของสภาพแวดล้อม ดังนั้นความแปรปรวนระหว่างตัวสัตว์ (between - individual variance) จะสืบเนื่องมาจากอิทธิพลของพันธุกรรม และสภาพแวดล้อม (สภาพแวดล้อมถาวรและสภาพแวดล้อมชั่วคราว, permanent environmental and contemporary environment) ส่วนความแปรปรวนระหว่างบันทึกข้อมูลของสัตว์แต่ละตัวขึ้นอยู่กับสภาพแวดล้อมชั่วคราวที่เกิดจากความแปรปรวนในแต่ละครอก (parity) หรือรอบการผลิต ดังนั้นความแปรปรวนของค่าสังเกต ($Var(y)$) สามารถจำแนกตามอิทธิพลของปัจจัยต่างๆได้ดังนี้ (Mrode, 1996)

$$Var(y) = Var(g) + Var(pe) + Var(te)$$

โดยที่

$Var(g)$ = ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลของยีนบวกสะสมและยีนที่ไม่ใช่ยีนบวกสะสม (Non - additive genes)

$Var(pe)$ = ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวร

$Var(te)$ = ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อมชั่วคราว

ในส่วนของค่าสหสัมพันธ์ระหว่างบันทึก (intraclass correlation , t) ของลักษณะที่เน้นเพื่อการคัดเลือก จะมีค่าเท่ากับสัดส่วนของความแปรปรวนระหว่างสัตว์กับลักษณะการแสดงออก ดังสมการที่ (2.5)

$$t = Var(g) + Var(pe) / Var(y) \text{-----}(2.5)$$

นิยมเรียกว่าอัตราซ้ำ ซึ่งแสดงถึงค่าสหสัมพันธ์ระหว่างบันทึกข้อมูลของสัตว์

$$\text{และ } \text{Var}(te) / \text{Var}(y) = 1 - t \quad \text{-----}(2.6)$$

จากสมการที่ (2.5)(2.6) ถ้าลักษณะการแสดงออกของสัตว์ในบันทึกต่างๆมีค่าเท่ากันทั้งหมดสามารถกล่าวได้ว่า สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic correlation) และสหสัมพันธ์ของสภาพแวดล้อมของแต่ละบันทึกมีค่าเท่ากับ 1

กำหนดให้ \bar{y}_i คือค่าเฉลี่ยของลักษณะแสดงออกของสัตว์จำนวน n บันทึก ในสัตว์ตัวที่ i เราจะสามารถหาค่าการผสมพันธุ์ได้ดังสมการที่ (2.7)

$$\hat{a}_i = b(\bar{y}_i - \mu) \quad \text{-----}(2.7)$$

เมื่อ $b = \text{Cov}(a, \bar{y}) / \text{Var}(\bar{y})$ และ

$$\text{Cov}(a, \bar{y}) = \text{Cov}(a, g + pe + \sum_n te / n) = \text{Cov}(a, g) = \sigma_a^2 \text{ และ}$$

$$\text{Var}(\bar{y}) = \text{Var}(g) + \text{Var}(pe) + \text{Var}(te) / n$$

ดังนั้นจากสมการที่ (2.5) และ (2.6) จะได้

$$\text{Var}(\bar{y}) = [t + (1-t) / n] \sigma_y^2$$

จะได้ว่า

$$\begin{aligned} b &= \text{Cov}(a, \bar{y}) / \text{Var}(\bar{y}) \\ &= \sigma_a^2 / [t + (1-t) / n] \sigma_y^2 \\ &= nh^2 / nt + (1-t) \\ &= nh^2 / [1 + (n-1)t] \end{aligned}$$

จากสมการข้างต้น แสดงให้เห็นว่าค่าของ b จะขึ้นอยู่กับค่าอัตราพันธุกรรม (heritability) ค่าอัตราการศึกษาและจำนวนบันทึกที่ใช้ร่วมในการประเมิน

ดังที่กล่าวไว้แล้ว ความแตกต่างของลักษณะที่แสดงออกในแต่ละบันทึกของการให้ผลผลิต ขึ้นอยู่กับอิทธิพลของสภาพแวดล้อมชั่วคราว อย่างไรก็ตามควรคำนึงถึงปัจจัยต่างๆที่เกี่ยวข้องเนื่องจากตัวสัตว์เองด้วย เช่น การให้ผลผลิตน้ำนมของโคนม มีรายงานว่าจำนวนท้อง (parity)

และอายุที่ให้ลูกตัวแรกมีอิทธิพลต่อลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม (Khan and Shook , 1996) ดังนั้นเพื่อความถูกต้องจึงจำเป็นต้องมีการปรับข้อมูลก่อนการประเมินค่าการผสมพันธุ์

ความแม่นยำในการประเมินค่าการผสมพันธุ์สามารถคำนวณหาได้จาก (Mrode, 1996)

$$\begin{aligned} r_{a,y} &= \text{Cov}(a,y) / \sigma_a \sigma_y \\ &= \sigma_a^2 / (\sigma_a \sqrt{[t + (1-t)/n] \sigma_y^2}) \\ &= h \sqrt{[n / (1 + (n-1)t)]} \\ &= \sqrt{[nh^2 / (1 + (n-1)t)]} \\ &= \sqrt{b} \end{aligned}$$

จากสมการ ถ้าอัตราการซ้ำต่ำ เราสามารถเพิ่มความแม่นยำด้วยการเพิ่มจำนวนบันทึก แต่ถ้าอัตราซ้ำมีค่าสูงอยู่แล้ว ความแม่นยำก็จะเพิ่มขึ้นเพียงเล็กน้อย เมื่อเปรียบเทียบความแม่นยำในการประเมินค่าการผสมพันธุ์ในกรณีบันทึกซ้ำ (r_n) กับกรณีบันทึกเดียว (r_k) ในรูปของสัดส่วน จะพบว่ากรณีที่มีบันทึกซ้ำจะมีความแม่นยำมากกว่า เนื่องจากกรณีหลายบันทึกมีการลดความแปรปรวนอันเนื่องมาจากสภาพแวดล้อมชั่วคราว (within individual variance) ซึ่งสามารถแสดงสัดส่วนของความแม่นยำของการประเมินค่าการผสมพันธุ์ในกรณีมีบันทึกซ้ำต่อบันทึกเดียว ดังสมการ (Mrode, 1996)

$$\frac{r_n}{r_k} = \frac{\sqrt{\frac{h^2}{t + (1-t)/n}}}{h} = \sqrt{\frac{1}{t + \frac{(1-t)}{n}}}$$

และสามารถแสดงสัดส่วนของความแม่นยำในการประเมินค่าการผสมพันธุ์กรณีที่มีบันทึกซ้ำและบันทึกเดียวเมื่อกำหนดค่าอัตราซ้ำและจำนวนบันทึกมีค่าต่างๆ กันดังตารางที่ 2.1

ตารางที่ 2.1 เปอร์เซ็นต์ความแม่นยำในการประเมินค่าการผสมพันธุ์ที่เพิ่มขึ้นในกรณีใช้บันทึกซ้ำเปรียบเทียบกับกรณีใช้บันทึกเดียว

t value	Number of records				
	2	4	6	8	10
0.2	29	58	73	83	89
0.5	15	26	31	33	35
0.8	5	8	10	10	10

ที่มา : Mrode (1996)

คำตอบสนองต่อการคัดเลือกในกรณีมีบันทึกซ้ำสามารถหาได้จาก

$$R = ir^2_{a,y} \sqrt{t + (1-t) / n}$$

2. การประเมินค่าการผสมพันธุ์โดยใช้บันทึกของลูก

การประเมินค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์โดยใช้บันทึกลักษณะของลูก เพื่อให้เป็นเกณฑ์การคัดเลือก เป็นการคัดเลือกแบบหนึ่งที่ยอมรับใช้โดยเฉพาะอย่างยิ่งการคัดเลือกพ่อพันธุ์หรือลักษณะที่เพศใดเพศหนึ่งไม่สามารถแสดงออกได้ เช่นลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม การคัดเลือกโดยดูบันทึกของลูก (progeny selection) จากจำนวนลูกหลายๆตัว มักเรียกว่า การทดสอบสกุล (progeny testing)

กำหนดให้ \bar{y} เป็นค่าเฉลี่ยของลักษณะที่ต้องการศึกษาซึ่งเป็นบันทึกเดี่ยวของลูกจำนวน n ตัว จากพ่อพันธุ์ตัวที่ i และลูกจะต้องมีความสัมพันธ์กับพ่อเป็นแบบลูกร่วมพ่อแต่ต่างแม่ (paternal half sib) สามารถประเมินค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ตัวที่ i ได้จากสมการที่ 2.8

$$\hat{a}_i = b(\bar{y} - \mu) \text{----- (2.8)}$$

เมื่อ

$$b = Cov(a, \bar{y}) / Var(\bar{y})$$

$$Cov(a, \bar{y}) = Cov(a, \frac{1}{2}a_s + \frac{1}{2}a_d + \sum_n e / n)$$

เมื่อ a_s เป็นค่าการผสมพันธุ์ของพ่อ และ a_d เป็นค่าการผสมพันธุ์ของแม่

$$\text{Cov}(a, \bar{y}) = \frac{1}{2} \text{Cov}(a, a_s) = \frac{1}{2} \sigma_a^2$$

จากหัวข้อที่ 1.2 (การประเมินค่าการผสมพันธุ์ในกรณีที่มีบันทึกซ้ำ) จะได้ว่า

$$\text{Var}(\bar{y}) = [t + (1-t)/n] \sigma_y^2$$

โดยมีข้อกำหนดว่าไม่มีความแปรปรวนร่วมของสภาพแวดล้อมระหว่างบันทึก และค่าอัตราซ้ำของลักษณะที่ทำการคัดเลือกระหว่างลูกร่วมพ่อแต่ต่างแม่มีค่าเท่ากับ

$$\frac{1}{4} \sigma_a^2 / \sigma_y^2 = \frac{1}{4} h^2$$

ดังนั้น

$$\begin{aligned} b &= \frac{\frac{1}{2} \sigma_a^2}{[t + (1-t)/n] \sigma_y^2} \\ &= \frac{\frac{1}{2} h^2}{[t + (1-t)/n]} \\ &= \frac{\frac{1}{2} h^2}{[\frac{1}{4} h^2 + (1 - \frac{1}{4} h^2) / n]} \\ &= \frac{\frac{1}{2} h^2}{[(\frac{nh^2}{4} + (1 - \frac{1}{4} h^2)) / n]} \\ &= \frac{\frac{1}{2} nh^2}{nh^2 + 4 - h^2} \\ &= \frac{2nh^2}{nh^2 + (4 - h^2)} \\ &= \frac{2n}{nh^2 + (4 - h^2)} \\ &= \frac{2n}{h^2} \end{aligned}$$

$$= 2n/n + (4 - h^2)/h^2$$

$$= 2n/n + k$$

เมื่อ $k = (4 - h^2)/h^2$

จากสมการจะเห็นได้ว่า ค่า b จะขึ้นอยู่กับค่าอัตราพันธุกรรม และจำนวนบันทึกข้อมูลของลูกสาวที่เข้าทำการทดสอบสกุล

ความแม่นยำของการประเมินค่าการผสมพันธุ์โดยใช้บันทึกข้อมูลลูกสาวจะมีค่าเท่ากับ

$$r_{a,y} = Cov(a, \bar{y}) / \sqrt{Var(a)Var(\bar{y})}$$

$$= \frac{\frac{1}{2}h^2\sigma_a^2}{\sqrt{h^2\sigma_y^2\left(\frac{1}{4}h^2 + \frac{(1-\frac{1}{4}h^2)}{n}\right)\sigma_y^2}}$$

$$= \frac{\frac{1}{2}h^2}{\sqrt{\frac{1}{4}h^2 + \frac{(1-\frac{1}{4}h^2)}{n}}}$$

$$= \sqrt{\frac{nh^2}{nh^2 + (4 - h^2)}}$$

$$= \sqrt{\frac{n}{n + k}}$$

โดยที่ $Cov(a, \bar{y}) = \frac{1}{2}\sigma_a^2$, $Var(a) = h^2\sigma_y^2$, $h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_y^2}$ (Hammond et al., 1992)

ค่า Reliability ของการประเมินค่าการผสมพันธุ์เท่ากับ $n/(n + k)$

ส่วนค่าคาดหวังในการตอบสนองต่อการคัดเลือกของการใช้บันทึกของลูกร่วมพ่อจะเหมือนกับส่วนที่ 1.2 ซึ่งใช้ค่าเฉลี่ยของบันทึกซ้ำ แต่ค่า r ในหัวข้อนี้อาจหมายถึง intraclass correlation

ระหว่างลูกร่วมพ่อ การประมาณผลผลิตของลูกร่วมพ่อในอนาคต (\hat{a}_{daugh}) สามารถกระทำได้ โดยการประเมินจากค่าเฉลี่ยผลผลิตของลูกสาวร่วมพ่อที่มีบันทึกอยู่แล้ว ได้ดังสมการ

$$\hat{a}_{daugh} = b(\bar{y} - \mu)$$

โดยที่ค่าของ \bar{y} และ μ ได้อธิบายไว้แล้วในสมการที่ (2.8)(2.3) ตามลำดับและ

$$b = Cov(a_{daugh}, \bar{y}) / Var(\bar{y})$$

$$\text{เมื่อ } Cov(a_{daugh}, \bar{y}) = Cov\left(\frac{1}{2}a_s + \frac{1}{2}a_{d^*}, \frac{1}{2}a_s + \frac{1}{2}a_d + \sum_n e/n\right)$$

เมื่อ d^* คือแม่ของลูกสาวร่วมพ่อในอนาคตโดยมีข้อกำหนดว่าแม่ (d) และแม่ (d^*) ไม่มีความสัมพันธ์กัน

$$Cov(a_{daugh}, \bar{y}) = Cov\left(\frac{1}{2}a_s, a_s\right) = \frac{1}{4}Cov(a_s, a_s) = \frac{1}{4}\sigma_a^2$$

ดังนั้น

$$b = \frac{1}{4}\sigma_a^2 / [t + (1-t)/n]\sigma_y^2$$

เมื่อคำนวณตามสมการที่ (2.8) จะได้ b มีค่าเท่ากับ

$$b = n / (n + k)$$

จะเห็นได้ว่าค่า b ที่คำนวณได้จะมีค่าเป็นครึ่งหนึ่งของค่า b ในสมการที่ (2.8) ดังนั้นจึงกล่าวได้ว่าค่าการผสมพันธุ์ของลูกสาวในอนาคตของพ่อตัวที่ i จะมีค่าเท่ากับครึ่งหนึ่งของการผสมพันธุ์ของพ่อ ส่วนสมรรถภาพการผลิตของลูกสาวในอนาคตสามารถทำนายได้ดังนี้

$$y = M + \hat{a}_{daugh}$$

โดยที่ M เป็นผลรวมของสมรรถภาพการผลิตเฉลี่ยเนื่องจากสภาพแวดล้อมและการจัดการ ส่วนระดับความแม่นยำในการประเมินค่าการผสมพันธุ์ของลูกสาวในอนาคตมีค่าเท่ากับ

$$\begin{aligned}
 r_{a_{daugh}, y} &= Cov(a_{daugh}, \bar{y}) / \sqrt{(Var(a)Var(y))} \\
 &= \frac{\frac{1}{4}h^2\sigma_y^2}{\sqrt{h^2\sigma_y^2\left(\frac{1}{4}h^2 + \frac{(1-\frac{1}{4}h^2)}{n}\right)\sigma_y^2}} \\
 &= \frac{\frac{1}{4}h^2}{\sqrt{\frac{1}{4}h^2 + \frac{(1-\frac{1}{4}h^2)}{n}}} \\
 &= \frac{1}{2} \sqrt{\frac{n}{n+k}}
 \end{aligned}$$

จะพบว่าความแม่นยำมีค่าเท่ากับครึ่งหนึ่งของการประเมินค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ หรือ reliability ของการประมาณค่าการผสมพันธุ์มีค่าเท่ากับ $0.25n/(n+k)$ หรือเท่ากับ $1/4$ ของ reliability ของพ่อพันธุ์

3. การประเมินค่าการผสมพันธุ์จากพันธุ์ประวัติ

การประเมินค่าการผสมพันธุ์จากพันธุ์ประวัติหรือบันทึกลักษณะของสัตว์แต่ละตัวนับตั้งแต่ชั่วพ่อ - แม่ย้อนขึ้นไปสามารถกระทำได้ เนื่องจากสัตว์จะได้รับการถ่ายทอดพันธุกรรมหรือยีนจากบรรพบุรุษ โดยที่บรรพบุรุษชั่วที่อยู่ใกล้จะมีอิทธิพลต่อสัตว์มากกว่าชั่วที่อยู่ห่างออกไป การประเมินค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์จากวิธีการนี้ จะกระทำได้รวดเร็วก่อนที่สัตว์จะแสดงลักษณะออกมา หรือในกรณีที่ไม่มีบันทึกลักษณะของสัตว์ตัวนั้น จากที่กล่าวไว้เบื้องต้นแล้วนั้นว่า บรรพบุรุษหรือพ่อ - แม่จะถ่ายทอดยีนไปสู่ลูกอย่างละครึ่ง ดังนั้นเราจึงสามารถประเมินค่าการผสมพันธุ์ของลูก (a_o) ได้ดังนี้

$$\hat{a}_o = (\hat{a}_d + \hat{a}_s) / 2$$

ให้ f คือ $\hat{a}_o = (\hat{a}_d + \hat{a}_s) / 2$ ดังนั้น ความแม่นยำในการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ จึงมีค่าเท่ากับ

$$r_{a_o,f} = \frac{\text{Cov}(a_o, \frac{1}{2}\hat{a}_s + \frac{1}{2}\hat{a}_d)}{\sqrt{\sigma_a^2 \text{Var}(\frac{1}{2}\hat{a}_s + \frac{1}{2}\hat{a}_d)}}$$

เมื่อ

$$\begin{aligned} \text{Cov}(a_o, \frac{1}{2}\hat{a}_s + \frac{1}{2}\hat{a}_d) &= \text{Cov}(a_o, \frac{1}{2}\hat{a}_s) + \text{Cov}(a_o, \frac{1}{2}\hat{a}_d) \\ &= \text{Cov}(\frac{1}{2}a_s + \frac{1}{2}a_d, \frac{1}{2}\hat{a}_s) + \text{Cov}(\frac{1}{2}a_s + \frac{1}{2}a_d, \frac{1}{2}\hat{a}_d) \end{aligned}$$

กำหนดให้ พ่อและแม่ไม่มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

$$\begin{aligned} \text{Cov}(a_o, \frac{1}{2}\hat{a}_s + \frac{1}{2}\hat{a}_d) &= \frac{1}{4}\text{Cov}(a_s, \hat{a}_s) + \frac{1}{4}\text{Cov}(a_d, \hat{a}_d) \\ &= \frac{1}{4}\text{Var}(\hat{a}_s) + \frac{1}{4}\text{Var}(\hat{a}_d) \end{aligned}$$

นำไปแทนการประมาณค่าความแปรปรวนของค่าการผสมพันธุ์ในสมการที่ (2.4)

$$\text{Cov}(a_o, \frac{1}{2}\hat{a}_s + \frac{1}{2}\hat{a}_d) = \frac{1}{4}(r_s^2 + r_d^2)\sigma_a^2$$

ดังนั้น

$$\begin{aligned} r_{\hat{a}_o,f} &= \frac{\frac{1}{4}(r_s^2 + r_d^2)\sigma_a^2}{\sqrt{\sigma_a^2 \frac{1}{4}(r_s^2 + r_d^2)\sigma_a^2}} \\ &= \frac{\sigma_f}{\sigma_a} \\ &= \frac{1}{2}\sqrt{(r_s^2 + r_d^2)} \end{aligned}$$

$$\text{เมื่อ } \sigma_f = \sqrt{[\text{Var}(\frac{1}{2}\hat{a}_s + \frac{1}{2}\hat{a}_d)]}$$

จากสมการข้างต้นจะพบว่าค่าความแม่นยำ (r) สูงสุดการประเมินค่าการผสมพันธุ์จะมีค่าเท่ากับ $\frac{1}{2}\sqrt{2} = 0.7$ แต่ถ้าเป็นการประเมินจากพันธุ์ประวัติของพ่อที่ผ่านการทดสอบสกุล (Proven sire) การประเมินค่าการผสมพันธุ์จะมีความแม่นยำดังสมการ

$$r_{\hat{a}_o, \hat{a}_s} = \frac{1}{2}\sqrt{r_s^2} = \frac{1}{2}\sqrt{n/(n+k)}$$

ความแม่นยำในการประเมินค่าการผสมพันธุ์ของลูกจากบันทึกของพ่อจะมีค่าดังสมการที่ (2.3) ส่วนค่าตอบสนองต่อการคัดเลือกมีค่าเท่ากับ

$$R = ir_{a_o, f}\sigma_a$$

เมื่อแทนค่า $r = \frac{\sigma_f}{\sigma_a}$

จะได้ $R = i\sigma_f$

4. การประเมินค่าการผสมพันธุ์จากลักษณะอื่นๆ

การประเมินค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะหนึ่งสามารถประเมินได้จากบันทึกของอีกลักษณะหนึ่ง ถ้าลักษณะทั้งสองที่กล่าวมามีสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic correlation) โดยกำหนดให้ y เป็นค่าสังเกตของสัตว์ตัวที่ i เพื่อใช้ในการประเมินค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะ x โดยสามารถประเมินค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะ x ได้ดังสมการที่ (2.9)

$$\hat{a}_{ix} = b(y - \mu) \text{ -----(2.9)}$$

เมื่อ $b = \text{Cov}(a_x, \text{measurement } y) / \text{var}(\text{measurement } y) \text{ ----- (2.10)}$

และสหสัมพันธ์ของลักษณะ x กับ y ($r_{ax,y}$) มีค่าเท่ากับ

$$\begin{aligned} r_{ax,y} &= \text{Cov}(a_x, a_y) / \sigma_{ax}\sigma_{ay} \\ \text{ดังนั้น } \text{Cov}(a_x, a_y) &= r_{ax,y}\sigma_{ax}\sigma_{ay} \text{ -----(2.11)} \end{aligned}$$

แทนค่าสมการที่ (2.11) ลงในสมการที่ (2.10) จะได้ว่า

$$b = r_{axy} \sigma_{ax} \sigma_{ay} / \sigma_y^2 \quad \text{-----(2.12)}$$

ค่าของยีนบวกสะสมเบี่ยงเบนของลักษณะ x และ y ในสมการที่ (2.12) ก็คือผลคูณรากที่ 2 ของอัตราพันธุกรรมกับความแปรปรวนลักษณะปรากฏจะได้ว่า

$$b = r_{a_n} \sigma_{a_x} \sigma_{a_y} h_x h_y / \sigma_y^2 \quad \text{-----(2.13)}$$

$$= r_{a_n} h_x h_y \sigma_x / \sigma_y \quad \text{----- (2.14)}$$

ดังนั้นค่า b จึงขึ้นอยู่กับสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ค่าอัตราพันธุกรรม และค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของลักษณะ x และ y ส่วนค่าความแม่นยำในการประเมินค่าการผสมพันธุ์มีค่าเท่ากับ

$$\begin{aligned} r_{axy} &= \text{Cov}(a_x, \text{measurement } y) / \sigma_{ax} \sigma_y \\ &= r_{axy} \sigma_{ay} \sigma_{ax} / \sigma_{ax} \sigma_y \\ &= r_{axy} h_y \end{aligned}$$

จะเห็นได้ว่าค่าความแม่นยำจะขึ้นอยู่กับสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะ x และ y และค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะค่าสังเกตที่มีบันทึก (y)

ส่วนผลตอบสนองทางอ้อม (correlated response , CR) ของการคัดเลือก y ที่มีต่อ x มีค่าเท่ากับ

$$CR_x = i h_x h_y r_{axy} \sigma_y$$

โดยที่ $h_x h_y r_{axy}$ เรียกว่าอัตราพันธุกรรมร่วม (coheritability) (Falconer and Mackay , 1996)

5. ดัชนีการคัดเลือก (selection index)

ดัชนีการคัดเลือก เป็นค่าประมาณถึงความสามารถทางพันธุกรรมของสัตว์ หรือค่าการผสมพันธุ์โดยใช้บันทึกข้อมูลทั้งหมดที่มีอยู่ เช่นบันทึกของสัตว์รวมทั้งบันทึกของสัตว์ที่มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสัตว์ตัวที่จะประเมิน ค่าที่ประเมินได้จะเป็นดัชนี (I) เพื่อจัดลำดับความ

สามารถทางพันธุกรรมเพื่อให้สะดวกในการคัดเลือก โดยสมมุติค่า y_1, y_2 และ y_3 เป็นลักษณะปรากฏที่แสดงออกของสัตว์ตัวที่ i และลักษณะปรากฏของสัตว์ตัวอื่นที่มีความสัมพันธ์กับตัวสัตว์ที่ i สามารถหาค่าดัชนีการคัดเลือกจะเป็นดังสมการที่ (2.15)

$$I_i = \hat{a}_i = b_1(y_1 - \mu) + b_2(y_2 - \mu) + b_3(y_3 - \mu) \text{-----} (2.15)$$

เมื่อค่า b_1, b_2 และ b_3 เป็นค่าสัมประสิทธิ์หรือค่าปรับ (weight) ของข้อมูลจากแหล่งต่างๆ (Falconer and Mackay, 1996) จากสมการที่ (2.15) ดัชนีการคัดเลือกสามารถประมาณค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์ตัวที่ i ได้ดี มีคุณสมบัติดังนี้

1. มีค่าเฉลี่ยกำลังสองของค่าคลาดเคลื่อนน้อยที่สุด หรือมีค่าเฉลี่ยของ $((a_i - \hat{a}_i)^2)$ น้อยที่สุด (Dale Van Vleck et al., 1987)
2. มีสหสัมพันธ์ ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ที่แท้จริงกับดัชนีการคัดเลือก ($r_{a, \hat{a}}$) มากที่สุด ค่าสหสัมพันธ์นี้บางครั้งเรียกว่าค่าความแม่นยำในการประเมิน (accuracy of prediction)
3. โอกาสที่จะเรียงลำดับความสามารถทางพันธุกรรมด้วยค่าการผสมพันธุ์ระหว่างสัตว์แต่ละตัวมีความถูกต้องมากที่สุด

ค่า b ในสมการที่ (2.15) จะต้องทำให้ค่า $(a - I)^2$ มีค่าน้อยที่สุด นั่นก็คือทำให้ค่า $r_{a, \hat{a}}$ มีค่าสูงที่สุดเท่าที่จะทำได้ วิธีการซึ่งให้ได้มาของค่าต่างๆที่กล่าวมาข้างต้นสามารถกระทำได้โดยการหาค่าสัมประสิทธิ์รีเกรสชันด้วย multiple linear regression ดังนั้นค่า b แต่ละตัวจึงเป็นค่า partial regression coefficients ของค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะปรากฏนั้นๆ โดยที่ค่า b จาก multiple linear regression ในแต่ละสมการหาได้ดังนี้

$$\begin{aligned} b_1 P_{11} + b_2 P_{12} + b_3 P_{13} + \dots + b_b P_{1n} &= g_{11} \\ b_1 P_{21} + b_2 P_{22} + b_3 P_{23} + \dots + b_b P_{2n} &= g_{21} \\ b_1 P_{31} + b_2 P_{32} + b_3 P_{33} + \dots + b_b P_{3n} &= g_{31} \\ &\vdots \\ &\vdots \\ &\vdots \\ b_1 P_{n1} + b_2 P_{n2} + b_3 P_{n3} + \dots + b_b P_{nn} &= g_{1n} \end{aligned} \text{-----} (2.16)$$

โดยที่ P_{ii} และ g_{ii} เป็นความแปรปรวนของลักษณะปรากฏและความแปรปรวนทางพันธุกรรมสำหรับสัตว์ตัวที่ i หรือลักษณะที่ i ส่วน P_{ij} และ g_{ij} เป็นความแปรปรวนร่วมของลักษณะปรากฏกับความแปรปรวนร่วมของพันธุกรรมระหว่างสัตว์ตัวที่ i หรือ j หรือลักษณะที่ i และ j

จากสมการที่ (2.16) สามารถเขียนให้อยู่ในรูปของเมตริกซ์ (Matrix form) ได้ดังนี้

$$Pb = G$$

และ

$$b = P^{-1}G$$

เมื่อ P คือเมตริกซ์ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของค่าสังเกต และ G เป็นเมตริกซ์ความแปรปรวนร่วมระหว่างค่าสังเกตกับค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้ ดังนั้นดัชนีการคัดเลือกจึงอยู่ในรูปของสมการ

$$I = \hat{a} = P^{-1}G(y - \mu) \quad \text{----- (2.17)}$$

$$= b'(y - \mu) \quad \text{----- (2.18)}$$

เมื่อ μ คือค่าประมาณของลักษณะสังเกตที่เกิดเนื่องจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อม ซึ่งมีข้อกำหนดว่าต้องทราบค่าและไม่มี ความคลาดเคลื่อน จากสมการที่ (2.17) (2.18) สามารถประเมินค่าการผสมพันธุ์โดยใช้หลักการเดียวกับวิธีการต่างๆที่กล่าวไว้แล้วเบื้องต้น

ความแม่นยำ ($r_{a,I}$) ของดัชนีการคัดเลือก ก็คือ สหสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ที่แท้จริงกับดัชนี ซึ่งสามารถคำนวณหาได้ดังสมการ

$$r_{a,I} = Cov(a, I) / \sigma_a \sigma_I$$

ในขั้นตอนแรกมีความจำเป็นที่จะต้องหาค่า σ_I^2 และ $Cov(a, I)$ จากสมการข้างต้น โดยใช้สูตรการหาความแปรปรวนของดัชนีการคัดเลือก I

$$\sigma_I^2 = Var(b_1 y_1) + Var(b_2 y_2) + \dots + 2b_1 b_2 Cov(y_1 y_2) + \dots$$

$$\begin{aligned}
 &= b_1^2 \text{Var}(y_1) + b_2^2 \text{Var}(y_2) + \dots + 2b_1 b_2 \text{Cov}(y_1, y_2) + \dots \\
 &= b_1^2 P_{11} + b_2^2 P_{22} + \dots + 2b_1 b_2 P_{12} + \dots
 \end{aligned}$$

หรือเขียนให้อยู่ในรูป

$$\sigma_i^2 = \sum_{i=1}^m b_i^2 P_{ii} + \left(\sum_{i=1}^m \sum_{i=1}^m b_i b_j P_{ij}, i \neq j \right)$$

เมื่อ m คือจำนวนลักษณะหรือจำนวนสัตว์ในดัชนี และถ้าเขียนให้อยู่ในรูปของเมตริกซ์
จะได้เป็น

$$\sigma_i^2 = b' P b \quad \text{----- (2.19)}$$

เมื่อ

$$b = P^{-1} G \quad \text{----- (2.20)}$$

แทนค่าในค่า b จะได้ว่า

$$\sigma_i^2 = G' P^{-1} G$$

ค่าความแปรปรวนร่วมของค่าการผสมพันธุ์ในลักษณะหรือตัวสัตว์กับค่าดัชนีมีค่าเท่ากับ

$$\begin{aligned}
 \text{Cov}(a_i, I) &= \text{Cov}(a_i, b_1 y_1) + \text{Cov}(a_i, b_2 y_2) + \dots + \text{Cov}(a_i, b_j y_j) \\
 &= b_1 \text{Cov}(a_i, y_1) + b_2 \text{Cov}(a_i, y_2) + \dots + b_j \text{Cov}(a_i, y_j)
 \end{aligned}$$

หรือ
$$\text{Cov}(a_i, I) = \sum_{j=1}^m b_j g_{ij}$$

เมื่อ g_{ij} เป็นความแปรปรวนร่วมระหว่างลักษณะหรือตัวสัตว์ที่ i และ j ส่วน m เป็น
จำนวนลักษณะหรือจำนวนสัตว์ที่อยู่ในสมการ สามารถเขียนให้อยู่ในรูปเมตริกซ์ได้ดังนี้

$$\text{Cov}(a_i, I) = b' G$$

เมื่อแทน $P^{-1}G = b$ จะได้ว่า

$$\begin{aligned} \text{Cov}(a_i, I) &= G'P^{-1}G \\ &= \sigma_i^2 \end{aligned}$$

ดังนั้นถ้า

$$\begin{aligned} r_{a,i} &= \sigma_i^2 / \sigma_a \sigma_i \\ &= \sigma_i / \sigma_a \end{aligned}$$

หรือ

$$r_{a,i} = \sqrt{\frac{\sum_{j=1}^m b_j g_{ij}}{\sigma_a^2}}$$

ส่วนคำตอบสนองการคัดเลือกจากดัชนีมีค่าเท่ากับ

$$\begin{aligned} R &= i r_{a,i} \sigma_a \\ &= i \sigma_i \end{aligned}$$

6. การประมาณการรวมตัวกันของยีนในไทยปี (Prediction of aggregate genotype)

ในบางกรณีเป้าหมายในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ มีได้เพียงต้องการประเมินค่าการผสมพันธุ์เพียงลักษณะเดียว แต่เป็นการคัดเลือกหรือประเมินค่าการผสมพันธุ์หลายๆลักษณะไปพร้อมกัน เพื่อประโยชน์สูงสุดทางด้านเศรษฐกิจ จากรายงานของ Philipson และคณะ (1994) ลักษณะที่ใช้ร่วมในการประเมินดัชนีการคัดเลือกของโคนมนอกจากลักษณะปริมาณน้ำนมแล้ว ยังประกอบไปด้วยผลผลิตโปรตีน ความสมบูรณ์พันธุ์และภาวะการเกิดโรคเต้านมอักเสบ วิธีการที่ใช้ประเมินค่าความสามารถทางพันธุกรรมของลักษณะหลายๆลักษณะไปพร้อมกันเรียกว่าการประเมินค่า aggregate breeding value (H) ซึ่งสามารถแสดงได้ดังสมการ

$$H = w_1 a_1 + w_2 a_2 + \dots + w_m a_m \quad \text{----- (2.21)}$$

โดยที่ a_i เป็นค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะที่ i และ w_i เป็นตัวถ่วงน้ำหนักทางด้านเศรษฐกิจของลักษณะที่ i ดังนั้นดัชนีเพื่อการประเมินในลักษณะนี้ (H) จึงมีพื้นฐานเหมือนกับการใช้ดัชนีการคัดเลือก แตกต่างกันเพียงแต่จะมีการถ่วงน้ำหนักทางเศรษฐกิจของแต่ละลักษณะเข้าไป (Hazel et al., 1994) ซึ่งจะมีค่าดังสมการ

$$\bar{I} = P^{-1}Gw(y - \mu)$$

เมื่อให้ w เป็นเวกเตอร์ค่าปรับน้ำหนักทางเศรษฐกิจ (economic weight) และในพจน์ต่างๆได้อธิบายไว้แล้วในสมการที่ (2.17) ส่วนสมการที่จะหาผลเฉลย (solution) ของค่าปรับน้ำหนัก (b value) ของดัชนี สามารถคำนวณหาได้โดย

$$\begin{aligned} b_1 P_{11} + b_2 P_{12} + \dots + b_m P_{1m} &= w_1 g_{11} + w_2 g_{12} + \dots + w_m g_{1m} \\ b_1 P_{21} + b_2 P_{22} + \dots + b_m P_{2m} &= w_1 g_{21} + w_2 g_{22} + \dots + w_m g_{2m} \\ &\vdots \\ &\vdots \\ &\vdots \\ b_1 P_{m1} + b_2 P_{m2} + \dots + b_m P_{mm} &= w_1 g_{m1} + w_2 g_{m2} + \dots + w_m g_{mm} \end{aligned}$$

สามารถเขียนให้อยู่ในรูปเมตริกซ์ได้ดังนี้

$$Pb = Gw$$

$$b = P^{-1}Gw$$

จากสมการที่ (2.22) เป็นสมการตัวอย่างเพื่อให้ง่ายต่อการทำความเข้าใจโดยกำหนดค่าถ่วงน้ำหนักทางเศรษฐกิจมีค่าเท่ากันในแต่ละลักษณะที่ทำการประเมิน แต่ในแง่ของความเป็นจริงค่าถ่วงน้ำหนักทางเศรษฐกิจแต่ละลักษณะจะมีความสำคัญไม่เท่ากัน หรืออาจมีการเปลี่ยนแปลงได้ในภายหลัง ดังนั้นจึงทำให้ต้องมีการประมาณค่าดัชนีขึ้นมาใหม่ วิธีการหนึ่งที่นับว่าสะดวกต่อการประเมินค่าดัชนี คือการนำค่าถ่วงน้ำหนักทางเศรษฐกิจออกจากสมการที่ (2.22) เมื่อได้ดัชนีมาจะเรียกว่า sub index ของแต่ละลักษณะใน H หลังจากนั้นจึงนำ sub index ของแต่ละลักษณะที่ปรับด้วยคุณค่าทางเศรษฐกิจมารวมกันดังสมการที่ (2.23)

$$I = \sum_{i=1}^m I_i w_i \quad \text{----- (2.23)}$$

เมื่อ

$$I = P^{-1}G_i(y - \mu) \text{ เป็น subindex ของลักษณะ } i \text{ ในดัชนี } H$$

$$w_i = \text{ค่าถ่วงน้ำหนักสำคัญทางเศรษฐกิจของลักษณะ } i$$

จากสมการที่ (2.23) เมื่อคุณค่าทางเศรษฐกิจของบางลักษณะมีค่าเปลี่ยนแปลงไป ก็สามารถนำค่าออกจากดัชนี และนำค่าใหม่ที่ประเมินได้ใส่เข้าไปแทน ซึ่งสามารถแสดงให้เห็นว่าสมการที่ (2.22) และ (2.23) มีค่าเท่ากัน โดยมีลักษณะที่ใช้ประเมิน 2 ลักษณะ แสดงดังสมการที่ (2.23)

$$\begin{aligned} I &= I_1 w_1 + I_2 w_2 \\ &= P^{-1} G_1 w_1 (y - \mu) + P^{-1} G_2 w_2 (y - \mu) \end{aligned}$$

เมื่อ G_i เป็นเมตริกซ์ความแปรปรวนระหว่างลักษณะ i กับลักษณะต่างๆในดัชนี จะได้ว่า

$$\begin{aligned} I &= P^{-1} (G_1 w_1 + G_2 w_2) (y - \mu) \\ &= P^{-1} G w (y - \mu) \end{aligned}$$

จะเห็นได้ว่ามีค่าเท่ากับสมการที่ (2.22)

อัตราความสัมพันธ์ระหว่างเครือญาติ

ความสัมพันธ์ระหว่างเครือญาติ (relationship coefficient) "เป็นความน่าจะเป็นที่ยีนใดยีนหนึ่งของบุคคลหนึ่งจะเหมือนกันโดยการถ่ายทอดกับยีนอีกตัวหนึ่งในตำแหน่งเดียวกันของบุคคลอีกคนหนึ่ง (Probability that a random gene from one individual is alike by descent to a random gene from another individual)" (สมชัย จันทส์สว่าง, 2530) จากที่กล่าวมาแล้วในบทก่อนว่า ในการประเมินค่าการผสมพันธุ์จะต้องใช้ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมระหว่างสัตว์แต่ละตัว (genetic covariance between individuals) เพื่อที่จะสร้างเมตริกซ์ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรม (genetic variance matrix) เพื่อให้การประเมินค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธี Best Linear Unbias Prediction (BLUP) มีความถูกต้องแม่นยำและไม่เอนเอียง

ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมระหว่างสัตว์แต่ละตัวจะประกอบด้วย 3 ส่วนใหญ่ๆคือ ความแปรปรวนของยีนบวกสะสม (additive genetic variance) ความแปรปรวนของยีนแบบข่ม (dominance variance) และความแปรปรวนเนื่องจากยีนต่างตำแหน่ง (epistatic variance) ในส่วนของบทนี้จะกล่าวถึงเฉพาะการคำนวณค่าความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์ในส่วน of ยีนบวกสะสม และการคำนวณหาระดับของการผสมเลือดชิด

1. การสร้างเมตริกซ์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (The numerator relationship matrix)

เมตริกซ์ที่แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสัตว์แต่ละตัวจะเรียกว่า numerator relationship matrix (A) โดยที่เมตริกซ์ A จะเป็นเมตริกซ์สมมาตร (symmetric) และค่าในแนว diagonal ของสัตว์ตัวที่ i (a_{ii}) จะมีค่าเท่ากับ $1 + F_i$ โดยที่ F_i เป็นสัมประสิทธิ์ของการผสมเลือดชิด (inbreeding coefficient) ของสัตว์ตัวที่ i ส่วนค่า off-diagonal แต่ละค่า (a_{ij}) จะมีค่าเท่ากับสัมประสิทธิ์ความสัมพันธ์ของสัตว์ตัวที่ i และ j เมื่อคูณค่าความแปรปรวนของยีนบวกสะสม (σ_u^2) ก็จะได้ค่าความแปรปรวนร่วมของค่าการผสมพันธุ์ ($A\sigma_u^2$) เมื่อกำหนดให้ u_i เป็นค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์ตัวที่ i

$$\text{Var}(u_i) = a_{ii}\sigma_u^2 = (1 + F_i)\sigma_u^2$$

Henderson(1976) ได้แสดงการสร้างเมตริกซ์ A ด้วย path coefficient โดยจัดลำดับสัตว์ตามพันธุ์ประวัติจาก 1 ถึง n โดยให้พ่อแม่ของสัตว์อยู่ลำดับต้นๆ สามารถสร้างเมตริกซ์ได้ดังนี้

ก. กรณีที่รู้ทั้งพ่อและแม่ (s และ d) ของสัตว์ตัวที่ i

$$a_{ji} = a_{ij} = 0.5(a_{js} + a_{jd}); j = 1, 2, 3, \dots, i - 1$$

$$a_{ii} = 1 + 0.5(a_{sd})$$

ข. กรณีที่รู้เฉพาะพ่อ (s) หรือเฉพาะแม่ (d) แต่มีข้อกำหนดว่าพ่อและแม่ไม่มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

$$a_{ji} = a_{ij} = 0.5(a_{js}); j = 1, 2, 3, \dots, i - 1$$

$$a_{ii} = 1$$

ค. ในกรณีที่ไม่ทราบทั้งพ่อและแม่ และมีข้อกำหนดว่าพ่อและแม่ไม่มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

$$a_{ji} = a_{ij} = 0; j = 1, 2, 3, \dots, i - 1$$

$$a_{ii} = 1$$

2. การแยกย่อยเมตริกซ์ความสัมพันธ์ (Decomposing the relationship matrix)

นอกจากการสร้างเมตริกซ์ A ดังวิธีการข้างต้นแล้ว Henderson (1976) ได้แสดงวิธีการสร้างเมตริกซ์ A ได้ดังสมการที่ (2.24)

$$A = TDT' \quad \text{----- (2.24)}$$

เมื่อ T คือ lower triangular matrix และ D เป็น diagonal matrix โดยที่ t_{ij} คือความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสัตว์ตัวที่ i และ j และมีข้อกำหนดว่าสัตว์แต่ละตัวจะไม่มีอัตราเลือดชิด ดังนั้น เมตริกซ์ T จึงหมายถึงการถ่ายทอดของยีนจากรุ่นไปสู่อีกรุ่นหนึ่ง (parent - offspring) ซึ่งสามารถหาความสัมพันธ์ได้ดังนี้

ก. สำหรับสัตว์ตัวที่ i

$$t_{ii} = 1$$

ข. ถ้าทราบทั้งพ่อและแม่ (s and d)

$$t_{ij} = 0.5(t_{sj} + t_{dj})$$

ค. ถ้าทราบเฉพาะพ่อหรือแม่เพียงตัวเดียว

$$t_{ij} = 0.5(t_{sj})$$

ง. กรณีที่ไม่ทราบทั้งพ่อและแม่

$$t_{ij} = 0$$

ส่วน diagonal matrix D คือ เมตริกซ์ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของ Mendelian Sampling ซึ่งกล่าวไว้ในบทก่อนหน้านี โดยที่ค่า m คิดได้ดังสมการที่ (2.25)

$$m_i = u_i - 0.5(u_s + u_d) \quad \text{----- (2.25)}$$

โดยที่กำหนด m คือ Mendelian sampling สำหรับสัตว์ตัวที่ i ส่วน u_s , u_d และ u_d คือค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์ตัวที่ i พ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ตามลำดับ จากสมการที่ (2.25)

ก. ในกรณีที่ทราบทั้งพ่อและแม่สามารถสร้างเมตริกซ์ D ได้ดังนี้

$$\begin{aligned} \text{Var}(m_i) &= \text{Var}(u_i) - \text{Var}(0.5u_s + 0.5u_d) \\ &= \text{Var}(u_i) - \text{Var}(0.5u_s) - \text{Var}(0.5u_d) - 2\text{Cov}(0.5u_s, 0.5u_d) \\ &= (1 + F)\sigma_u^2 - 0.25a_{ss}\sigma_u^2 - 0.25a_{dd}\sigma_u^2 - 0.5a_{sd}\sigma_u^2 \end{aligned}$$

เมื่อกำหนดให้ a_{ss}, a_{dd} และ a_{sd} เป็นค่าความสัมพันธ์ในเมตริกซ์ A และ F_i เป็นอัตราเลือดชิดของสัตว์ตัวที่ i

$$\text{Var}(m_i) / \sigma_u^2 = d_{ii} = (1 + F_i) - 0.25a_{ss} - 0.25a_{dd} - 0.5a_{sd}$$

$$\text{เมื่อ } F_i = 0.5a_{sd}$$

$$d_{ii} = 1 - 0.25(1 + F_s) - 0.25(1 + F_d)$$

$$d_{ii} = 0.5 - 0.25(F_s - F_d)$$

เมื่อ F_s และ F_d เป็นค่าอัตราเลือดชิดของพ่อและแม่ตามลำดับ

ข. กรณีที่ทราบพ่อหรือแม่เพียงตัวเดียว สมาชิกของ diagonal จะมีค่าเป็น

$$d_{ii} = 1 - 0.25(1 + F_s)$$

$$d_{ii} = 0.75 - 0.25(F_s)$$

ค. ในกรณีที่ไม่ทราบทั้งพ่อและแม่

$$d_{ii} = 1$$

3. การอินเวอร์สเมตริกซ์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Computing the inverse of the relationship matrix)

การที่จะประเมินค่าการผสมพันธุ์ให้มีความถูกต้องแม่นยำจำเป็นต้องใช้ ส่วนกลับของเมตริกซ์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแต่ถึงอย่างไรก็ตามการอินเวอร์สเมตริกซ์ $A (A^{-1})$ จากเมตริกซ์ A โดยตรง มีข้อจำกัดในกรณีที่ข้อมูลเป็นจำนวนมากๆ Hendersson (1976)

จึงได้เสนอวิธีการอินเวอร์สเมตริกซ์ A โดยไม่ใช่เมตริกซ์ A แต่สามารถสร้างได้จากสมการที่ (2.24) แทน

$$A^{-1} = (T^{-1})' D^{-1} T^{-1} \text{ ----- (2.26)}$$

จากสมการที่ (2.26) จะเห็นได้ว่าการอินเวอร์สเมตริกซ์ D สามารถกระทำได้ง่ายเพราะเป็น diagonal matrix ส่วนเมตริกซ์ (T^{-1}) สามารถคำนวณหาได้โดยใช้เมตริกซ์เอกลักษณ์ (Identity matrix) ลบด้วยเมตริกซ์ M ซึ่งเป็น lower triangular matrix ซึ่งทุกค่าเป็นศูนย์ ยกเว้นสัตว์ตัวที่ทราบบรรพบุรุษจะมีค่าเป็น 0.5 (เนื่องจากลูกจะได้รับยีนจากพ่อและแม่มาอย่างละครึ่ง) ดังนั้นเมตริกซ์ T^{-1} จึงสามารถหาด้วยเมตริกซ์ I ลบด้วยเมตริกซ์ M ($I - M$) (Schaeffer et al. , 1989)

3.1 การอินเวอร์สเมตริกซ์ A โดยไม่คำนึงถึงอัตราเลือดชิด (Inverse of the relationship matrix ignoring inbreeding)

จากสมการที่ (2.26) เป็นสมการที่คำนวณค่า A^{-1} อย่างง่ายๆ โดยมีได้รวมค่าอัตราเลือดชิดเข้าไปด้วย แต่ถ้าเมื่อพิจารณาถึงสมาชิก D^{-1} จะพบว่ามีความเท่ากับ 2, 4/3 และ 1 เมื่อทราบทั้งพ่อและแม่, ทราบพ่อหรือแม่เพียงอย่างเดียว และไม่ทราบทั้งพ่อและแม่ ตามลำดับ ถ้ากำหนดให้ α_i เป็นสมาชิกใน diagonal จะทำให้สามารถเขียน D^{-1} ได้ดังกรณีต่างๆดังนี้

ก. กรณีที่ทราบทั้งพ่อและแม่ของสัตว์ตัวที่ i

$$\begin{aligned} \alpha_i & \text{ สำหรับสมาชิกตำแหน่งที่ } (i,i) \\ -\alpha_i / 2 & \text{ สำหรับสมาชิกตำแหน่งที่ } (s,i), (i,s), (d,i) \text{ และ } (i,d) \\ -\alpha_i / 4 & \text{ สำหรับสมาชิกตำแหน่งที่ } (s,s), (s,d), (d,s) \text{ และ } (d,d) \end{aligned}$$

ข. กรณีที่ทราบพ่อหรือแม่เพียงอย่างเดียว

$$\begin{aligned} \alpha_i & \text{ สำหรับสมาชิกตำแหน่งที่ } (i,i) \\ -\alpha_i / 2 & \text{ สำหรับสมาชิกตำแหน่งที่ } (s,i), (i,s) \end{aligned}$$

ค. กรณีที่ไม่ทราบบรรพบุรุษ

$$\alpha_i \text{ สำหรับสมาชิกตำแหน่งที่ } (i,i)$$

3.2 การอินเวอร์สเมตริกซ์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยรวมค่าอัตราเลือดชิด (Inverse of the relationship matrix taking inbreeding into account)

การคำนวณหาค่า A^{-1} โดยนำส่วนของอัตราเลือดชิดเข้าไปด้วย มีหลักการและวิธีการคิดเช่นเดียวกับส่วนที่ 3.1 ที่ได้กล่าวไว้แล้ว แต่เมตริกซ์ D และ D^{-1} ในสมการที่ (2.25) จะต้องนำค่าอัตราการผสมเลือดชิดของพ่อและแม่เข้าไปด้วย สำหรับในกรณีที่ประชากรมีขนาดใหญ่มาก การที่จะหา A^{-1} กระทำได้ยากเพราะมีข้อจำกัดของหน่วยความจำของเครื่องคอมพิวเตอร์ Quass(1976) จึงได้เสนอวิธีการ diagonal element ของ A และ A^{-1} โดยไม่ต้องสร้างเมตริกซ์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

จาก

$$A = TDT'$$

ถ้ากำหนดให้

$$L = T\sqrt{D}$$

เมื่อ L คือ lower triangular matrix D คือ diagonal และ \sqrt{D} คือรากที่สองของ diagonal element ของเมตริกซ์ D จากสมการที่ (2.26) เราสามารถคำนวณหา diagonal element ของเมตริกซ์ A สำหรับสัตว์ตัวที่ i ได้ดังนี้

$$a_{ii} = \sum_{m=1}^i l_{im}^2 \quad \text{-----(2.27)}$$

เมื่อกำหนดให้พันธุ์ประวัติ (pedigree) ประกอบด้วยสัตว์ทั้งหมด m ตัว

$$a_{11} = l_{11}^2$$

$$a_{22} = l_{21}^2 + l_{22}^2$$

$$a_{33} = l_{31}^2 + l_{32}^2 + l_{33}^2$$

⋮

⋮

⋮

$$a_{mm} = l_{m1}^2 + l_{m2}^2 + l_{m3}^2 + \dots + l_{mm}^2$$

จากสมการที่ (2.26) สามารถคำนวณหาค่า diagonal element เมตริกซ์ L ของสัตว์ตัวที่ i ได้ดังนี้

$$l_{ii} = \sqrt{d_i}$$

$$l_{ii} = \sqrt{[0.5 - 0.25(F_s + F_d)]}$$

$$l_{ii} = \sqrt{[1.0 - 0.25(a_{ss} + a_{dd})]}$$

เมื่อ $a_{ss} = 1 + F_s$ และ $a_{dd} = 1 + F_d$

จากสมการที่ (2.27)

$$l_{ii} = \sqrt{[1.0 - 0.25(\sum_{m=1}^s l_{sm}^2 + \sum_{m=1}^d l_{dm}^2)]}$$

ฉะนั้นจะได้ diagonal elements $D^{-1} (\alpha_i)$ สำหรับสัตว์ตัวที่ i จะมีค่าเท่ากับ $1/l_{ii}^2$ และสามารถคำนวณหาค่า A^{-1} ไปได้พร้อมๆกัน

ดังนั้นค่า off-diagonal element ของ L ทางด้านซ้ายมือของสัตว์ตัวที่ i จะมีค่าเท่ากับ

$$l_{ij} = 0.5(l_{sj} + l_{dj}); s \text{ and } d \geq j$$

4. การอินเวอร์สเมตริกซ์ความสัมพันธ์ของ sire และ maternal grandsire (Inverse of the relationship matrix for sire and maternal grandsire) (Morde, 1996)

ในบางกรณีการประเมินค่าการผสมพันธุ์สามารถทำได้เฉพาะพ่อพันธุ์และพ่อของแม่พันธุ์ ซึ่งเรียกวิธีการประเมินค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธีนี้ว่า sire and maternal grandsire (MGS) model การคำนวณหาเมตริกซ์ และอินเวอร์สเมตริกซ์ความสัมพันธ์จึงมีความแตกต่างไปจากวิธีที่ได้กล่าวไว้แล้ว การหาอินเวอร์สเมตริกซ์ A สามารถทำได้ดังนี้

$$a_{ii} = 1 + 0.25a_{sk} \text{ ----- (2.28)}$$

$$a_{ij} = 0.5a_{sj} + 0.25a_{kj} \text{ ----- (2.29)}$$

เมื่อ s และ k เป็นพ่อพันธุ์และพ่อของแม่พันธุ์ของสัตว์ตัวที่ i ตามลำดับ และมีข้อกำหนดว่า พ่อของแม่พันธุ์ทั้งหมดไม่มีความสัมพันธ์กันทางพันธุกรรม และกำหนดให้เป็นสัตว์พื้นฐานของประชากร (base animals)

การอินเวอร์สเมตริกซ์ A สามารถใช้สมการที่ (2.26) มาประยุกต์ใช้ โดย T^{-1} (lower triangular matrix) ค่า diagonal จะมีค่าเท่ากับ 1 และค่าทางด้านล่างของ diagonal ของสัตว์ตัวที่ i จะมีค่าเท่ากับ -0.5 และ -0.25 สำหรับคอลัมน์ที่สัมพันธ์กับพ่อพันธุ์และพ่อของแม่พันธุ์ตามลำดับ ส่วนค่าสมาชิกของ D และ D^{-1} สามารถกระทำได้เช่นเดียวกับในส่วนของ 3.1 และ 3.2 โดยที่ diagonal elements ของเมตริกซ์ D ของสัตว์ตัวที่ i สามารถคำนวณหาได้ดังนี้

- กรณีที่ทราบทั้งพ่อพันธุ์ (s) และพ่อของแม่พันธุ์ (k)

$$d_{ii} = [\text{Var}(u_i) - \text{Var}(\frac{1}{2}u_s + \frac{1}{4}u_k)] / \sigma_u^2$$

เมื่อ u คือค่าการผสมพันธุ์ และ

$$d_{ii} = \frac{11}{16} - \frac{1}{4}F_s - \frac{1}{16}F_k$$

เมื่อ F_s และ F_k คืออัตราเลือดชิดของพ่อพันธุ์และพ่อของแม่พันธุ์ตามลำดับ

- กรณีที่ทราบเฉพาะพ่อของแม่พันธุ์

$$d_{ii} = [\text{Var}(u_i) - \text{Var}(\frac{1}{4}u_k)] / \sigma_u^2$$

$$d_{ii} = \frac{15}{16} - \frac{1}{16}F_k$$

- กรณีที่ทราบเฉพาะพ่อพันธุ์หรือไม่ทราบบรรพบุรุษ สามารถหาค่า d_{ii} ด้วยวิธีที่ได้อธิบายไว้แล้วในส่วนที่ 3.2

การหาค่า A^{-1} สามารถกระทำได้โดยใช้ T^{-1} และ D^{-1} จะมีค่าเท่ากับ

ก. กรณีที่ทราบทั้งพ่อพันธุ์ (s) และพ่อของแม่พันธุ์ (k) ของสัตว์ตัวที่ i โดยเพิ่ม

d_{ii}^{-1} เข้าไปในตำแหน่ง (i, i)

$-d_{ii}^{-1}/2$ เข้าไปในตำแหน่ง (s, i) และ (i, s)

$-d_{ii}^{-1}/4$ เข้าไปในตำแหน่ง (k, i) และ (i, k)

$d_{ii}^{-1}/4$ เข้าไปในตำแหน่ง (s, s)

$d_{ii}^{-1}/8$ เข้าไปในตำแหน่ง (s, k) และ (k, s)

$d_{ii}^{-1}/16$ เข้าไปในตำแหน่ง (k, k)

เมื่อปราศจากเลือดชิด $d_{ii}^{-1} = \frac{16}{11}$

ข. กรณีที่ทราบเฉพาะพ่อของแม่พันธุ์ (k) ของสัตว์ตัวที่ i โดยเพิ่ม

d_{ii}^{-1} เข้าไปในตำแหน่ง (i, i)

$-d_{ii}^{-1}/4$ เข้าไปในตำแหน่ง (k, i) และ (i, k)

$d_{ii}^{-1}/16$ เข้าไปในตำแหน่ง (k, k)

เมื่อปราศจากเลือดชิด $d_{ii}^{-1} = \frac{16}{15}$

ค. กรณีที่ทราบเฉพาะพ่อของสัตว์ตัวที่ i โดยเพิ่ม

d_{ii}^{-1} เข้าไปในตำแหน่ง (i, i)

$-d_{ii}^{-1}/2$ เข้าไปในตำแหน่ง (s, i) และ (i, s)

$d_{ii}^{-1}/4$ เข้าไปในตำแหน่ง (s, s)

เมื่อปราศจากเลือดชิด $d_{ii}^{-1} = \frac{3}{4}$

ง. กรณีที่ไม่ทราบทั้งพ่อและพ่อของแม่พันธุ์ของสัตว์ตัวที่ i

d_{ii}^{-1} เข้าไปในตำแหน่ง (i, i)

และ $d_{ii}^{-1} = 1$

การประเมินค่าการผสมพันธุ์โดยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP)

1. การประเมินค่าการผสมพันธุ์โดย BLUP กรณีที่มีตัวแปรสุ่มเพียงตัวเดียว (Univariate model with one random effect)

ในครั้งแรกได้กล่าวถึงการประเมินพันธุกรรมโดยใช้ดัชนีการคัดเลือก (best linear prediction) ซึ่งมีข้อจำกัดในเรื่องของการปรับข้อมูลในส่วนของปัจจัยคงที่ (fixed effect) โดยมีข้อกำหนดว่าต้องทราบค่าต่างๆเหล่านั้น แต่ในสภาพความเป็นจริงนั้นเราไม่ทราบค่า และที่สำคัญก็คือการที่จะหาผลเฉลยของสมการดัชนี (index equations) จะต้องใช้อินเวอร์สเมตริกซ์เพื่อหาความแปรปรวนร่วมของค่าสังเกต ซึ่งกระทำได้ยากถ้าข้อมูลมีจำนวนมาก

Henderson (1949) (อ้างโดย Mrode , 1996) ได้พัฒนาวิธีการที่เรียกว่า Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) ซึ่งสามารถหาผลเฉลยของปัจจัยคงที่และค่าการผสมพันธุ์ได้ในคราวเดียวกัน โดยคุณสมบัติของวิธี BLUP จะประกอบไปด้วย

- Best = ค่าสหสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ที่แท้จริง (true breeding value , a) กับค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากการประเมิน (predicted breeding value , \hat{a}) มีค่าสูงสุด หรือสามารถถ่วงน้ำหนักหนึ่งว่าค่าความคลาดเคลื่อนของค่าทั้งสองมีค่าน้อยที่สุด (minimizes prediction error variance , PEV, $(Var(a - \hat{a}))$)
- Linear = ตัวประมาณค่าเป็น linear function ของค่าสังเกต
- Unbiased = การประเมินค่าปัจจัยสุ่ม (random effect) หรือค่าการผสมพันธุ์และค่าปัจจัยคงที่ไม่มีอคติ ($E(a - \hat{a}) = 0$)
- Prediction = เป็นการประเมินค่าการผสมพันธุ์ที่แท้จริง

1.1 ทฤษฎีพื้นฐาน (Theoretical Background)

พิจารณาสมการ mixed model equation (MME)

$$y = Xb + Za + e \quad \text{-----}(2.30)$$

- เมื่อ y = เวกเตอร์ ของค่าสังเกตมีขนาด $n \times 1$, ; n = จำนวนของบันทึก
- b = เวกเตอร์ ของปัจจัยคงที่มีขนาด $p \times 1$, ; p = จำนวนของปัจจัยคงที่
- a = เวกเตอร์ ของปัจจัยสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์มีขนาด $q \times 1$, ; q = จำนวนของปัจจัยสุ่ม
- e = เวกเตอร์ ของ error residual มีขนาด $n \times 1$,
- X = เมตริกซ์ขนาด $n \times p$, มีความสัมพันธ์กับปัจจัยคงที่
- Z = เมตริกซ์ขนาด $n \times q$, มีความสัมพันธ์กับปัจจัยสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์
- ทั้ง X และ Z จะเรียกว่า incidence matrices

โดยมีข้อกำหนดว่าค่าคาดหวัง ของ y , a และ e มีค่าเท่ากับ

$$E(y) = Xb; E(a) = E(e) = 0$$

และ residual effects ประกอบไปด้วย random environment และ non-additive genetic effects และมีคุณสมบัติเป็น $NID \sim (0, \sigma_e^2)$ ดังนั้น $Var(e) = I\sigma_e^2 = R$, $Var(a) = A\sigma_a^2 = G$ และ $Cov(a, e) = Cov(e, a) = 0$ เมื่อ A เป็นเมตริกซ์แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ดังนั้น

$$\begin{aligned} Var(y) = V &= Var(Za + e) \\ &= ZVar(a)Z' + Var(e) + Cov(Za, e) + Cov(e, Za) \\ &= ZGZ' + R + ZCov(a, e) + Cov(e, a)Z' \end{aligned}$$

เมื่อ $Cov(a, e) = Cov(e, a) = 0$ ดังนั้น

$$V = ZGZ' + R \quad \text{-----}(2.31)$$

และ

$$\begin{aligned} Cov(y, a) &= Cov(Za + e, a) \\ &= Cov(Za, a) + Cov(e, a) \\ &= ZCov(a, a) \\ &= ZG \end{aligned}$$

และ

$$\begin{aligned} Cov(y, e) &= Cov(Za + e, e) \\ &= Cov(Za, e) + Cov(e, e) \\ &= ZCov(a, e) + Cov(e, e) \\ &= R \end{aligned}$$

จะได้ $Var(y) = V = ZGZ' + R, Cov(y, a) = ZG, Cov(y, e) = R$

ดังนั้นตัวประมาณของ $X\hat{b}$ (BLUE($X\hat{b}$), Best Linear Unbiased Estimation for $X\hat{b}$) คือ

$$BLUE(X\hat{b}) = X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y$$

เมื่อ $(X'V^{-1}X)^{-1}$ คือ $X'V^{-1}X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}X = X'V^{-1}X$ และเป็น BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) ของ a เมื่อ

$$BLUP(a) = GZ'V^{-1}(y - BLUE(X\hat{b})) \quad \text{-----}(2.32)$$

การหาผลเฉลยของ a และ b ในสมการที่ (2.32) ต้องการ V^{-1} ซึ่งสามารถกระทำได้ยาก Henderson (1985) ได้นำเสนอ mixed model equation เพื่อที่จะประมาณ b และประเมิน a ได้พร้อมกันโดยไม่ต้องอาศัย V^{-1} จากสมการที่ (2.30) ซึ่งเขียนอยู่ในรูป MME ได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

$$\begin{aligned} \text{เมื่อ } X\hat{b} &= BLUE(Xb) \\ \hat{a} &= BLUP(a) \end{aligned}$$

โดยมีข้อกำหนดให้ R และ G เป็น non-singular matrix และ R^{-1} จะมีค่าเท่ากับ Identity matrix จะได้ว่า

$$\begin{bmatrix} XX & XZ \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix} \quad \text{-----}(2.33)$$

$$\text{เมื่อ } \alpha = \sigma_e^2 / \sigma_a^2 \text{ หรือ } (1 - h^2) / h^2$$

การใช้ MME เพื่อหาผลเฉลยของ $BLUE(Xb)$ และ $BLUP(a)$ จะต้องอยู่ภายใต้ข้อกำหนดดังต่อไปนี้คือ

1. การกระจาย (distribution) ของ y, a และ e จะต้องมีการกระจายแบบโค้งปกติ (multivariate normal distribution) หรือกล่าวอีกนัยหนึ่งคือ ลักษณะที่ทำการศึกษาคือเป็นผลเนื่องมาจากยีนบวกสะสมจำนวนมากคู่ (many additive genes of infinitesimal)

2. ความแปรปรวน และ ความแปรปรวนร่วม (R และ G) ของประชากรต้องทราบหรืออย่างน้อยต้องทราบสัดส่วน ซึ่งโดยปกติเราจะไม่ทราบค่าที่แท้จริง แต่สามารถหาได้โดยใช้ REML (Restricted Maximum Likelihood) แต่จะต้องมีข้อกำหนดว่าจะต้องเป็นแบบหุ่นที่เป็น infinitesimal model

3. MME

1.2 การประเมินค่าการผสมพันธุ์ด้วย BLUP โดยใช้รูปแบบสมการต่างๆ

ก. Animal model

การประเมินค่าการผสมพันธุ์โดยใช้ Animal model จะอยู่บนพื้นฐานของตัวสัตว์และความสัมพันธ์ของสัตว์กับสัตว์ตัวอื่น มาร่วมในการประเมินทำให้มีความถูกต้องมากขึ้น ส่วนความแม่นยำ (accuracy, r) ได้จากสหสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้กับค่าการผสมพันธุ์ที่แท้จริง ในส่วนของโคนมมักนิยมใช้ค่า reliability (r^2) ซึ่งหาได้จากกำลังสองของค่าสหสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากการประเมินกับค่าการผสมพันธุ์ที่แท้จริง

ถ้า coefficient matrix ของ MME ในสมการที่ (2.33) คือ (Wilkinson and Dommerholt, 1983)

$$\begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} \\ C_{21} & C_{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{bmatrix}$$

การหา generalized inverse (g - inverse) ของ coefficient matrix จะได้

$$\begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} \\ C^{21} & C^{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{bmatrix}^{-}$$

$$C^{22} = [Z'Z + A^{-1}\alpha - (Z'X(X'X)^{-}X'Z)]^{-1}$$

ดังนั้นค่า PEV (Prediction error variance) จะมีค่าเท่ากับ (Henderson, 1975)

$$PEV = Var(a - \hat{a}) = C^{22}\sigma_e^2 \quad \text{----- (2.34)}$$

$$PEV = C^{22}\sigma_e^2 = (1 - r^2)\sigma_a^2$$

เมื่อ r^2 เป็นกำลังสองของค่าสหสัมพันธ์ของค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้กับค่าการผสมพันธุ์ที่แท้จริง ดังนั้น สัตว์ตัวที่ i สามารถหา r^2 ได้ดังสมการ

$$d_i\sigma_e^2 = (1 - r^2)\sigma_a^2$$

เมื่อ d_i เป็น i^{th} diagonal element ของ C^{22}

$$d_i \sigma_e^2 / \sigma_a^2 = 1 - r^2$$

$$r^2 = 1 - d_i \alpha$$

จากสมการที่ (2.34) ค่า standard error ของการ prediction (SEP) จะได้จาก

$$SEP = \sqrt{\text{Var}(a - \hat{a})}$$

$$= \sqrt{d_i \sigma_e^2}$$

ข. Sire model

ประโยชน์ของการใช้ sire model ก็คือการประเมินเฉพาะพ่อพันธุ์เพียงอย่างเดียว โดยใช้เฉพาะบันทึกของลูกสาว ซึ่งนิยมใช้ในการประเมินพ่อพันธุ์โคนม ข้อได้เปรียบของ sire model ก็คือ จำนวนสมการที่ร่วมใช้ในการประเมินจะมีจำนวนน้อยกว่าเมื่อเทียบกับ animal model โดยมีข้อกำหนดว่าแม่ของลูกหรือคู่ผสมพันธุ์จะต้องมีพันธุกรรมเหมือนกันทั้งหมด sire model สามารถเขียนในรูปสมการเมตริกซ์ ได้ดังนี้

$$Y = Xb + Zs + e \quad \text{-----}(2.35)$$

จากสมการที่ (2.35) s คือ เวกเตอร์สุ่มของพ่อพันธุ์

$$\text{Var}(s) = A\sigma_s^2$$

$$\text{Var}(y) = ZAZ'\sigma_s^2 + R$$

เมื่อ A คือเมตริกซ์แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพ่อพันธุ์ , $\sigma_s^2 = 0.25\sigma_a^2$ และ $R = I\sigma_e^2, \alpha = \sigma_e^2 / \sigma_s^2 = (4 - h^2) / h^2$

ค. Reduced Animal model (RAM)

จากการใช้ animal model ในการประเมินค่าการผสมพันธุ์ ทำให้จำนวนสมการมีจำนวนเท่ากับจำนวนสัตว์ แต่ถ้าใช้เฉพาะบรรพบุรุษของสัตว์มาร่วมในการประเมิน ก็จะทำให้สามารถลดจำนวนสมการลงไปได้มาก โดยเฉพาะในกรณีที่จำนวนบรรพบุรุษมีน้อยกว่าจำนวนของลูกโมเดลที่ใช้เพื่อประเมินค่าการผสมพันธุ์แบบนี้เรียกว่า Reduced Animal Model และค่าการผสมพันธุ์ของลูกก็สามารถคำนวณได้จากค่าการผสมพันธุ์ของบรรพบุรุษ ดังนั้นค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์ตัวที่ i สามารถคำนวณได้จาก

$$a_i = \frac{1}{2}(a_s + a_d) + m_i \quad \text{-----}(2.36)$$

เมื่อ a_s และ a_d คือค่าการผสมพันธุ์ของพ่อและแม่ ส่วน m_i คือ Mendelian Sampling

$$\text{Var}(m_i) = (0.5 - 0.25(F_s + F_d))\sigma_a^2$$

ให้ $F = (F_s + F_d) / 2$ ดังนั้น

$$\begin{aligned} \text{Var}(m_i) &= (0.5 - 0.5(F))\sigma_a^2 \\ &= 0.5(1 - F)\sigma_a^2 \end{aligned} \quad \text{-----} (2.37)$$

ดังนั้นสามารถเขียนสมการได้ดังนี้

$$y_{ijk} = p_i + \frac{1}{2}a_s + \frac{1}{2}a_d + m_i + e_{ijk} \quad \text{-----} (2.38)$$

สำหรับกรณีที่ไม่มีบรรพบุรุษ ส่วนค่าของ m_j และ e_{ijk} จะรวมอยู่ในส่วนของ residual

e_{ijk}^*

$$e_{ijk}^* = m_j + e_{ijk}$$

และ $\text{Var}(e_{ijk}^*) = \text{Var}(m_j) + \text{Var}(e_{ijk})$

จากสมการที่ (2.38) จะได้ว่า

$$\text{Var}(e_{ijk}^*) = \frac{1}{2}(1 - F)\sigma_a^2 + \sigma_e^2$$

$$\text{Var}(m_j) = d_j(1 - F_j)\sigma_a^2$$

เมื่อ d_j มีค่าเท่ากับ 1/2, 3/4 และ 1 สำหรับสัตว์ที่ทราบพ่อแม่ทั้งคู่ ทราบเฉพาะพ่อหรือแม่ และไม่ทราบทั้งพ่อและแม่ตามลำดับ

สามารถเขียนสมการได้ดังนี้

$$y_p = X_p b + Z_a p + e \quad \text{กรณีที่ทราบบรรพบุรุษ}$$

$$y_n = X_n b + Z_1 a_p + e^* \quad \text{กรณีที่ไม่ทราบบรรพบุรุษ}$$

ให้ค่า a_p มีค่าเท่ากับค่าการผสมพันธุ์ของบรรพบุรุษ จากโมเดลทั้ง 2 สามารถเขียน RAM ได้โดย

$$\begin{bmatrix} y_p \\ y_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_p \\ X_n \end{bmatrix} b + \begin{bmatrix} Z \\ Z_1 \end{bmatrix} a_p + \begin{bmatrix} e \\ e' \end{bmatrix}$$

$$\text{ให้ } X = \begin{bmatrix} X_p \\ X_n \end{bmatrix}, W = \begin{bmatrix} Z \\ Z_1 \end{bmatrix} \text{ และ } R = \begin{bmatrix} R_p \\ R_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_e^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_{e'}^2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I & 0 \\ 0 & I + D\alpha^{-1} \end{bmatrix}$$

$$\text{ดังนั้น } \text{Var}(y) = WA_pW'\sigma_e^2 + R$$

$$\text{Var}(a_p) = A_p\sigma_a^2$$

โดยที่ A_p คือ เมทริกซ์แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างบรรพบุรุษและ D คือ diagonal matrix ของ d_j สามารถหาผลเฉลยของ MME ได้เป็น

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}W \\ W'R^{-1}X & W'R^{-1}W + A^{-1}(1/\sigma_a^2) \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ W'R^{-1}y \end{bmatrix} \quad \text{-----(2.39)}$$

2. การประเมินค่าการผสมพันธุ์ด้วย BLUP โดยมีสภาพแวดล้อมเป็นปัจจัยสุ่ม (Model with random environmental effects)

ในบางลักษณะปัจจัยทางสภาพแวดล้อม จะเป็นองค์ประกอบหลักในความแปรปรวนเช่น ความแปรปรวนระหว่างสมาชิกในครอบครัวเดียวกันจะมีผลเนื่องจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อมร่วม (common environmental effects) หรือความแปรปรวนระหว่างบันทึกในสัตว์ตัวเดียวกันจะมีผลเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวร (permanent environmental effects) ดังนั้นปัจจัยทางสภาพแวดล้อมจึงควรนำไปใช้ในสมการด้วยเพื่อความถูกต้องและแม่นยำในการประเมินค่าการผสมพันธุ์ด้วย BLUP โดยมีสภาพแวดล้อมเป็นปัจจัยสุ่มเรียกว่า repeatability model

repeatability model มีประโยชน์อย่างยิ่งต่อลักษณะที่มีการวัดซ้ำหรือลักษณะที่สัตว์สามารถแสดงลักษณะปรากฏได้หลายครั้งในชีวิตหนึ่ง เช่น ขนาดครอก (litter size) ของแม่สุกร หรือปริมาณน้ำนมในแต่ละจำนวนครั้งที่ให้ผลผลิต (lactation) ของโคนม ดังที่กล่าวไว้แล้วว่า ความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ (phenotypic variance) จะประกอบไปด้วยความแปรปรวนของพันธุกรรม (additive and non-additive) สภาพแวดล้อมถาวร (permanent

environmental variance) และความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมชั่วคราว (temporary environment variance) สำหรับสัตว์แต่ละตัวจะถือว่าพันธุกรรมในแต่ละบันทึกคงที่ หรือกล่าวได้ว่าความแปรปรวนของพันธุกรรมจะมีค่าเท่ากันทุกบันทึก ดังนั้นสามารถเขียนความแปรปรวนของลักษณะในแต่ละบันทึกได้ดังนี้

$$\text{Var} \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_{i1}^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 & \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 & \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 \\ \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 & \sigma_{i2}^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 & \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 \\ \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 & \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 & \sigma_{i3}^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 \end{bmatrix}$$

เมื่อ σ_{ii}^2 = ความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมชั่วคราวของบันทึกที่ i

σ_{pe}^2 = ความแปรปรวนร่วมของสภาพแวดล้อมถาวร

σ_g^2 = ความแปรปรวนร่วมของพันธุกรรม

* ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมมีค่าเท่ากัน

สหสัมพันธ์ระหว่างบันทึกของสัตว์นิยมใช้ repeatability ซึ่งหาได้จาก $(\sigma_g^2 + \sigma_{pe}^2) / \sigma_y^2$ เมื่อเขียนเป็น repeatability model จะเขียนได้ดังนี้

$$y = Xb + Za + Wpe + e \quad \text{-----}(2.40)$$

เมื่อ y = เวกเตอร์ของค่าสังเกต

b = เวกเตอร์ของปัจจัยคงที่

a = เวกเตอร์ของปัจจัยสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์

pe = เวกเตอร์ของสภาพแวดล้อมถาวรและอิทธิพลของยีนที่ไม่ใช่ยีนบวกสะสม

e = เวกเตอร์ของ random residual effect

X, Z และ W เป็นเมตริกซ์ปรากฏ ซึ่งมีความสัมพันธ์กับ บันทึก , สัตว์ และสภาพแวดล้อมถาวรตามลำดับ

โดยมีข้อกำหนดว่าสภาพแวดล้อมถาวรและ residual effect มีการกระจายอย่างอิสระ มีค่าเฉลี่ย = 0 และความแปรปรวนมีค่าเท่ากับ σ_{pe}^2 และ σ_e^2 ตามลำดับ

$$\text{Var}(pe) = I\sigma_{pe}^2$$

$$\text{Var}(e) = I\sigma_e^2 = R$$

$$Var(a) = A\sigma_a^2$$

$$Var(y) = ZAZ'\sigma_a^2 + WI\sigma_{pe}^2W' + R$$

เมื่อใช้ MME สำหรับประมาณค่า b (BLUE) และประเมินค่า a และ pe (BLUP) จะได้

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{pe} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\alpha_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix} \quad \text{----- (2.41)}$$

$$\text{เมื่อ } \alpha_1 = \sigma_e^2 / \sigma_a^2 \text{ และ } \alpha_2 = \sigma_e^2 / \sigma_{pe}^2$$

3. การประเมินค่าการผสมพันธุ์หลายลักษณะพร้อมกันโดยวิธี BLUP (Multivariate animal model)

การประเมินค่าการผสมพันธุ์ ในบางครั้งสามารถทำได้ครั้งละหลายๆลักษณะไปพร้อมกัน โดยที่ลักษณะที่นำมาประเมินร่วมกันจะต้องมีสหสัมพันธ์ร่วมทางลักษณะปรากฏและสหสัมพันธ์ร่วมระหว่างพันธุกรรม วิธีการประเมินค่าการผสมพันธุ์แบบนี้เรียกว่า Multivariable Best Linear Unbiased Prediction (MBLUP) ประโยชน์ของ MBLUP ก็คือ เพิ่มความแม่นยำในการประเมินยิ่งขึ้น ซึ่งความแม่นยำจะขึ้นอยู่กับ

1. ความแตกต่างระหว่าง genetic และ residual correlation ระหว่างลักษณะ คือ ถ้ามีค่ามากความแม่นยำในการประเมินก็จะมีค่ามากขึ้นไปด้วย
2. ถ้า residual correlation มีค่าต่ำกว่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม การประเมินจะมีความแม่นยำมากขึ้นในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ เมื่อเทียบกับลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูง ในทางตรงกันข้ามถ้า residual correlation มีค่าสูงกว่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม การประเมินจะมีความแม่นยำมากขึ้นในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูง เมื่อเทียบกับลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ (Schaeffer , 1984)

ข้อเสียของวิธี MBLUP ก็คือการวิเคราะห์ครั้งละ n ลักษณะ (n traits) เสียค่าใช้จ่ายมากกว่าการวิเคราะห์ทีละลักษณะ (single trait) จำนวน n ลักษณะ และต้องอาศัยค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และ สหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ ระหว่างลักษณะเพื่อใช้ร่วมในการประเมิน

โมเดลที่ใช้วิเคราะห์โดยครั้งละหลายลักษณะ (multivariate analysis) จะมีความคล้ายคลึงกับการวิเคราะห์ครั้งละลักษณะ โดยสมการของลักษณะที่ 1 จะเขียนได้ดังนี้

$$y_1 = X_1b_1 + Z_1a_1 + e_1$$

โมเดลของลักษณะที่ 2

$$y_2 = X_2 b_2 + Z_2 a_2 + e_2$$

เขียนสมการสำหรับการวิเคราะห์ครั้งละหลายลักษณะ ได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} \quad \text{----- (2.42)}$$

เมื่อ y_i = เวกเตอร์ของค่าสังเกตในลักษณะที่ i

b_i = เวกเตอร์ของปัจจัยคงที่ของลักษณะที่ i

a_i = เวกเตอร์ของปัจจัยสุ่มเนื่องจากสัตว์ในลักษณะที่ i

e_i = เวกเตอร์ของ residual ในลักษณะที่ i

X_i และ Z_i เป็นเมตริกซ์ปรากฏของปัจจัยคงที่และปัจจัยสุ่มในลักษณะที่ i ตามลำดับ และมีข้อกำหนดว่า

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}A & g_{12}A & 0 & 0 \\ g_{21}A & g_{22}A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & r_{11} & r_{12} \\ 0 & 0 & r_{21} & r_{22} \end{bmatrix}$$

เมื่อ g_{ij} เป็นสมาชิกของ G ซึ่งเป็น เมตริกซ์ความแปรปรวนของยีนบวกสะสม และ เมตริกซ์ความแปรปรวนร่วมของยีนบวกสะสม โดยที่สมาชิกแต่ละตัวคือ

g_{11} = ความแปรปรวนของยีนบวกสะสม ของลักษณะที่ 1

$g_{12} = g_{21}$ = ความแปรปรวนร่วมของยีนบวกสะสม ระหว่างลักษณะทั้งสอง

g_{22} = ความแปรปรวนของยีนบวกสะสม ของลักษณะที่ 2

และ r_{ij} เป็นสมาชิกของ R (เป็นเมตริกซ์ความแปรปรวน และ เมตริกซ์ความแปรปรวนร่วม ของ residual) สามารถเขียนให้อยู่ในรูป MME ได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + A^{-1}G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

เมื่อ

$$X = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix}, Z = \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix}, \hat{b} = \begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \end{bmatrix}, \hat{a} = \begin{bmatrix} \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \end{bmatrix} \text{ และ } y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix}$$

จะได้ว่า

$$\begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \\ \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1' R^{11} X_1 & X_1' R^{12} X_2 & X_1' R^{11} Z_1 & X_1' R^{12} Z_2 \\ X_2' R^{21} X_1 & X_2' R^{22} X_2 & X_2' R^{21} Z_1 & X_2' R^{22} Z_2 \\ Z_1' R^{11} X_1 & Z_1' R^{12} X_2 & Z_1' R^{11} Z_1 + A^{-1} g^{11} & Z_1' R^{12} Z_2 + A^{-1} g^{12} \\ Z_2' R^{21} X_1 & Z_2' R^{22} X_2 & Z_2' R^{21} Z_1 + A^{-1} g^{21} & Z_2' R^{22} Z_2 + A^{-1} g^{22} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X_1' R^{11} y_1 + X_2' R^{12} y_2 \\ X_2' R^{21} y_1 + X_2' R^{22} y_2 \\ Z_1' R^{11} y_1 + Z_1' R^{12} y_2 \\ Z_2' R^{21} y_1 + Z_2' R^{22} y_2 \end{bmatrix} \quad \text{----- (2.43)}$$

เมื่อ g^{ij} คือ สมาชิกของ G^{-1} ถ้า R^{12}, R^{21}, g^{12} และ g^{21} มีค่าเท่ากับศูนย์ สมการที่ (2.43) จะลดรูปมาเหลือเป็นการวิเคราะห์ครั้งละหนึ่งลักษณะ 2 สมการ เนื่องจากลักษณะทั้งสอง ไม่มีสหสัมพันธ์ร่วมกัน