

บทที่ 3 อุปกรณ์ และ วิธีการ

3.1 ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้เป็นข้อมูลน้ำหนักโครุ่นพันธุ์บราห์มัน ที่รวบรวมมาตั้งแต่ปี 2530-2537 รวม 8 ปี ประกอบด้วยโคจากแหล่งต่างๆ ดังนี้

ข้อมูลสถานีบำรุงพันธุ์สัตว์ปราจีนบุรี จำนวน 535 ตัว จากพ่อพันธุ์ จำนวน 11 ตัว

ข้อมูลสถานีบำรุงพันธุ์สัตว์อุบลราชธานี จำนวน 405 ตัว จากพ่อพันธุ์ จำนวน 9 ตัว และ

ข้อมูลสถานีบำรุงพันธุ์สัตว์มหาสารคาม จำนวน 441 ตัว จากพ่อพันธุ์ จำนวน 10 ตัว

โคบราห์มันของกรมปศุสัตว์ที่มีกระจายตามศูนย์วิจัย และสถานีบำรุงพันธุ์สัตว์นี้เลี้ยงไว้เพื่อผลิตพ่อแม่พันธุ์โคเนื้อพันธุ์แท้จำหน่ายสู่เกษตรกร พร้อมทั้งรับรองพันธุ์ประวัติให้เกษตรกร-กรนำไปใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์ต่อไป นอกจากนี้เพื่อการศึกษาวิจัยต่างๆ มีการคัดเลือกโครุ่นเข้าทดสอบสมรรถภาพ เมื่อผ่านการทดสอบฯ จะคัดเลือกโคเพศผู้ที่ดีเด่น ส่งให้กองผสมเทียมนำไปผลิตน้ำเชื้อบริการผสมเทียมแก่เกษตรกรต่อไป

การเลี้ยงโคบราห์มันในแต่ละสถานีกำหนดให้ผสมพันธุ์แบบเป็นฤดูการผสมพันธุ์ (breeding season) จัดเป็น 2 ฤดูต่อปี ฤดูแรกเริ่มตั้งแต่ 5 พ.ค.-2 ส.ค. และ ฤดูที่ 2 เริ่มจาก 15 ต.ค.-1 ก.พ. ของปีถัดไป ทำการผสมพันธุ์โดยใช้พ่อพันธุ์คุมฝูง(1:25-1:30) ลูกโคที่เกิดใหม่จะถูกชั่งน้ำหนักภายใน 24 ชั่วโมง และปล่อยให้เลี้ยงอยู่กับแม่ตั้งแต่แรกเกิดจนถึงหย่านม การเลี้ยงระยะก่อนหย่านม แม่โคและลูกโคจะปล่อยให้เลี้ยงในแปลงหญ้าในตอนเช้า และกลับเข้าคอกตอนเย็น ตั้งแต่เวลา 8.00-16.00 น. ในคอกจะมีหญ้าสดหรือหญ้าแห้งให้กินตลอดเวลาเมื่อเข้าคอก ในช่วงฤดูแล้งระหว่าง ธ.ค.-เม.ย. จะเสริมอาหารข้นให้กินในตอนเย็น ให้ประมาณ 2 กก.ต่อตัวต่อวัน มีน้ำสะอาดและแร่ธาตุก้อนให้กินตลอดเวลา เมื่อลูกโคทุกตัวถึงกำหนดหย่านมจะถูกแยกออกจากแม่โค ทำการประทับตราข้างลำตัว ชั่งน้ำหนัก ฉีดวัคซีน และถ่ายพยาธิ จากนั้นนำมาเลี้ยงรวมในคอกโคหย่านมไม่ปะปนกับฝูงแม่โค เลี้ยงจนกระทั่งอายุได้ 1 ปีจึงนำมาชั่งน้ำหนักอีกครั้งหนึ่ง ในการศึกษาครั้งนี้จึงเลือกลักษณะที่อยู่ในช่วง 1 ปีมาศึกษาซึ่งได้แก่

- (1) น้ำหนักแรกเกิด(birth weight, BW) หมายถึงน้ำหนักตัวที่ชั่งภายใน 24 ชม. หลังคลอด
- (2) น้ำหนักหย่านม(weaning weight, WW) หมายถึงน้ำหนักตัวชั่งเมื่อหย่านมอายุ 7 เดือนในทีนี้นับ 205 วันเป็นเกณฑ์ น้ำหนักหย่านมของทุกตัวจะปรับเข้าหา 205 วันพร้อมทั้งปรับด้วยค่าปรับอายุแม่ ดังแสดงเป็นสูตรได้ดังนี้

$$WW = (ADG1 \times 205 + BW) \times CF$$

ADG1 หมายถึง อัตราการเจริญเติบโตก่อนหย่านม

$$ADG1 = \frac{\text{น้ำหนักหย่านม-น้ำหนักแรกเกิด}}{\text{อายุเมื่อหย่านม}}$$

CF = ค่าปรับอายุแม่(Age of dam correction factor)

(3) น้ำหนักที่อายุ 1 ปี (yearling weight , YW) หมายถึงน้ำหนักที่ชั่งเมื่ออายุ 1 ปีหรือ 365 วันในที่นี้นับ 365 วันเป็นเกณฑ์ ดังแสดงเป็นสูตรได้ดังนี้

$$YW = ADG2 \times (365 - 205) + WW$$

ADG2 หมายถึง อัตราการเจริญเติบโตหลังหย่านม

$$ADG2 = \frac{\text{น้ำหนักที่อายุ 1 ปี} - \text{น้ำหนักหย่านม}}{\text{อายุ 1 ปี} - \text{อายุหย่านม}}$$

ในข้อ (2) นำค่าปรับอายุแม่มาใช้ในการปรับน้ำหนัก ตามรายงานของ จรรยาและคณะ (2534) ซึ่งรายงานว่าแม่โคที่มีอายุแตกต่างกันมีอิทธิพลทำให้น้ำหนักหย่านมของลูกโคแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($p < 0.01$) ค่าปรับนี้จึงกำหนดขึ้นมาเพื่อลดอิทธิพลของอายุแม่ที่จะส่งผลให้น้ำหนักหย่านมมีได้แตกต่างกัน จะทำการปรับโดยวิธีคูณเข้ากับน้ำหนักลูกโคเมื่อหย่านมแยกตามอายุแม่ของโคแต่ละตัวที่หย่านม ค่าปรับนี้มี 15 ค่า เนื่องจากการศึกษาดังกล่าวนี้แบ่งอายุแม่โคไว้ทั้งหมด 15 กลุ่มอายุ ตั้งแต่อายุ 2-16 ปี เมื่อลูกโคตัวใดถึงกำหนดหย่านม จะชั่งน้ำหนัก นำเอาน้ำหนักที่ได้นี้คูณกับค่าปรับตามอายุของแม่โคที่ให้ลูกหย่านม ผลคูณที่ได้ออกมาจะเป็นค่าน้ำหนักหย่านมที่ปรับแล้วตามอายุแม่ (ค่าปรับอายุแม่ แสดงไว้ในตารางผนวกที่ 2)

3.2) การวิเคราะห์ข้อมูล

3.2.1 การวิเคราะห์ความแปรปรวน

เนื่องจากข้อมูลที่ศึกษานี้มีทั้งปัจจัยคงที่และปัจจัยสุ่มที่ทำให้ข้อมูลเกิดความแปรปรวนขึ้นได้ ดังนั้นจึงจำเป็นต้องวิเคราะห์แยกความแปรปรวนอันเนื่องมาจากอิทธิพลของปัจจัยต่างๆ ออกตามแบบหุนทางสถิติ(statistical model)ที่แสดงไว้ พร้อมทั้งเพิ่มลักษณะน้ำหนักเริ่มต้นเข้าร่วมเป็นปัจจัยหนึ่งใน แบบหุนเป็นการวิเคราะห์แบบโควาเรียนซ์ ทาค่าความแปรปรวนอันเนื่องมาจากพ่อพันธุ์ และความคลาดเคลื่อนที่แท้จริงออกมา ขั้นตอนวิเคราะห์นี้เป็นขั้นตอนแรก จากนั้นนำไปใช้ในการประมาณค่าอัตราพันธุกรรม(h^2) และ คำนวณค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะต่างๆ ต่อไป

แบบหุนทางสถิติ

$$Y_{ijklm} = \mu + SX_i + HYS_j + WT_k + S_l + E_{ijklm} \quad \dots\dots\dots(2)$$

เมื่อ :

$$Y_{ijklm} = \text{ค่าสังเกตของลักษณะที่ศึกษา แจกแจงตามเพศที่ } i \text{ ฝูง/ปี/ฤดู ที่ } j \\ \text{น้ำหนักปรับที่ } k \text{ พ่อที่ } l \text{ ของลูกตัวที่ } m$$

- μ = ค่าเฉลี่ยของลักษณะ เป็นอิทธิพลรวมที่ค่าสังเกตทุกค่าได้รับ (overall mean)
 SX_i = อิทธิพลคงที่ของเพศที่ $i, i=1,2$
 HYS_j = อิทธิพลคงที่ของ ฝูง/ปี/ฤดู ที่ $j, j=1,2,\dots,42$
 WT_k = อิทธิพลของน้ำหนักเริ่มต้นที่ต่างกัน ที่ k
 (โดย WT_k หมายถึง น้ำหนักแรกเกิด เมื่อ Y_{ijklm} เป็นค่าน้ำหนักหย่านม และ WT_k หมายถึง น้ำหนักหย่านม เมื่อ Y_{ijklm} เป็นค่าน้ำหนัก 1 ปี ในกรณี Y_{ijklm} เป็นน้ำหนักแรกเกิด จะไม่มี WT_k ในแบบหุ่่น)
 S_l = อิทธิพลสุ่มของพ่อพันธุ์ตัวที่ $l, l=1,2,\dots,30$ โดย $S_l \sim NID(0, \sigma_s^2)$
 E_{ijklm} = อิทธิพลสุ่มอื่นๆ ที่ค่าสังเกตแต่ละค่าได้รับ โดย $E_{ijklm} \sim NID(0, \sigma_e^2)$

3.2.2 ค่าอัตราพันธุกรรม (Heritability, h^2)

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรม ข้อมูลถูกนำมาวิเคราะห์ความแปรปรวน (analysis of variance) ทหาความแปรปรวนของพ่อพันธุ์ และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนตามวิธีของ Henderson's method II ในการคิดคำนวณอาศัยโปรแกรมสำเร็จรูป statistical analysis system (SAS) วิเคราะห์หาแบบ OLS คำสั่ง PROC GLM(SAS, 1982) โดยนำเอาปัจจัยคงที่เข้าประเมินก่อนแล้วตามด้วยปัจจัยสุ่ม วิเคราะห์ในรูปแบบของแบบหุ่่นพ่อพันธุ์ (sire model) ตามแบบหุ่่นสมการ (2) และเนื่องจากข้อมูลที่รวบรวมมา มีความสัมพันธ์กันแบบร่วมพ่อต่างแม่ จึงทำการประเมินค่าอัตราพันธุกรรมโดยวิเคราะห์ข้อมูลแบบพี่น้องร่วมพ่อต่างแม่

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรม ของทุกลักษณะในการศึกษานี้ คำนวณจากความแปรปรวนระหว่างพ่อ และความแปรปรวนของลูกที่ร่วมพ่อต่างแม่ ตามวิธีการของ Becker 1985 และ Falconer and Mackay 1996 ดังนี้

$$h^2 = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_e^2}$$

เมื่อ σ_s^2 = ความแปรปรวนของพ่อพันธุ์ (sire variance)

σ_e^2 = ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน (error variance)

ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (S.E.) ของอัตราพันธุกรรมคำนวณได้จากสูตร

$$S.E.(h^2) = \frac{4\sqrt{2(1-t)^2[1+(k-1)t]^2}}{k(k-1)(S-1)}$$

เมื่อ $t =$ สหสัมพันธ์ภายในชั้น (intraclass correlation) หรือ
 อัตราซ้ำ (repeatability) : $t = \sigma_s^2 / (\sigma_s^2 + \sigma_e^2)$
 $k =$ จำนวนลูกเฉลี่ยต่อพ่อ : $k = (N - \sum_i n_i^2 / N) / S - 1$
 $N =$ จำนวนลูกทั้งหมด
 $n =$ จำนวนลูกในแต่ละพ่อ
 $S =$ จำนวนพ่อพันธุ์

3.2.3 คำนวณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และค่าสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ (Genotypics Correlation, r_g and Phenotypic Correlation, r_p)

ในกรณีที่ต้องการศึกษาลักษณะ 2 ลักษณะ (X , Y) มีความสัมพันธ์กันอย่างไร ในทิศ
 ทางใด มีปริมาณเท่าใด จะพิจารณาถึงระดับความสัมพันธ์ระหว่าง 2 ลักษณะนั้นได้โดยวิธีการ
 ประมาณค่าสหสัมพันธ์ ประกอบไปด้วยการประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และ การ
 ประมาณค่าสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ ซึ่งเป็นการวิเคราะห์ความแปรปรวน และความแปร
 ปรวนร่วมของ 2 ลักษณะพร้อมกัน วิธีการวิเคราะห์ความแปรปรวนของแต่ละลักษณะนั้น ทำ
 เหมือนกับการประเมินค่าอัตราพันธุกรรม ส่วนการวิเคราะห์ความแปรปรวนร่วมระหว่าง 2
 ลักษณะได้แสดงการวิเคราะห์ความแปรปรวนร่วมไว้ในตารางที่ 7

ตารางที่ 7 การวิเคราะห์ความแปรปรวนร่วม และ expected mean cross product (EMCP)

SOV.	df	MCP	EMCP
Sire	S-1	MCP_s	$COV_w + kCOV_s$
Sib	N-S	MCP_w	COV_w

เมื่อ $MCP_s =$ ค่าเฉลี่ยผลคูณระหว่างผลรวมของส่วนเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยใน
 ลักษณะที่มีความสัมพันธ์กันของพ่อพันธุ์
 $MCP_w =$ ค่าเฉลี่ยผลคูณระหว่างผลรวมของส่วนเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยใน
 ลักษณะที่มีความสัมพันธ์กันของลูก
 $COV_s =$ ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลของพ่อพันธุ์
 $COV_w =$ ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลของลูก
 และ $k =$ สัมประสิทธิ์ของความแปรปรวนร่วม (คำนวณเช่นเดียวกับตารางที่ 1)

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และค่าสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ คำนวณได้ตามวิธีของ
 Becker (1985) จากสูตรต่อไปนี้

$$r_p = \frac{COV_{w(xy)} + COV_{s(xy)}}{(\sqrt{V_{w(x)} + V_{s(x)}})(\sqrt{V_{w(y)} + V_{s(y)}})}$$

$$r_g = \frac{4COV_{s(xy)}}{\sqrt{(4V_{s(x)})(4V_{s(y)})}}$$

- เมื่อ : $V_{s(x)}$ = ความแปรปรวนเนื่องจากพหุโคในลักษณะ X
 $V_{s(y)}$ = ความแปรปรวนเนื่องจากพหุโคในลักษณะ Y
 $V_{w(x)}$ = ความแปรปรวนเนื่องจากสุกโคในลักษณะ X
 $V_{w(y)}$ = ความแปรปรวนเนื่องจากสุกโคในลักษณะ Y
 $COV_{s(xy)}$ = ความแปรปรวนร่วมระหว่างลักษณะ X และ Y เนื่องจากพหุโค
 $COV_{w(xy)}$ = ความแปรปรวนร่วมระหว่างลักษณะ X และ Y เนื่องจากสุกโค

สำหรับค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (S.E.)ของค่าสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ และค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมคำนวณได้จากสูตร (Cunningham, 1969)

$$S.E.(r_{pg}) = \sqrt{\frac{1 - (r_{pg})^2}{N - 2}}$$

$$S.E.(r_{gj}) = \sqrt{\text{Var}(r_{gj})}$$

$$\text{โดยที่ } \text{Var}(r_{gj}) = \frac{1 - (r_{gj})^2}{N - 1} \left[\frac{2}{h_i^2} + \frac{1}{h_j^2} + \frac{1}{2} \right]$$

- เมื่อ r_{pg} = ค่าสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ
 r_{gj} = ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม
 h_i = อัตราพันธุกรรมของลักษณะที่ i
 h_j = อัตราพันธุกรรมของลักษณะที่ j
 N = จำนวนข้อมูลที่ศึกษาความสัมพันธ์ระหว่าง ลักษณะที่ i กับ j

3.3 การสร้างดัชนีคัดเลือก

ส่วนประกอบสำคัญอย่างหนึ่งในการสร้างดัชนีคัดเลือกคือ ค่าเศรษฐกิจสัมพัทธ์ (a_i) ซึ่งค่านี้จะต้องอาศัยการประมาณค่านี้จากสัมประสิทธิ์ถดถอยเชิงส่วน สำหรับในกรณีนี้หาสัมประสิทธิ์ b_i) จากสมการที่ (1) เสียก่อนโดยใช้หลักการวิเคราะห์ความถดถอย หาความสัมพันธ์ระหว่าง รายได้การจำหน่ายโคพันธุ์เท่ากับลักษณะที่ศึกษา 3 ลักษณะ อาศัยโปรแกรม SAS วิเคราะห์ภายใต้คำสั่ง PROC REG(SAS, 1982) ผลการวิเคราะห์จะให้ค่า b_1 , b_2 และ b_3

จากนั้นนำค่าเหล่านี้มาคำนวณเป็นค่าเศรษฐกิจสัมพัทธ์จากการเทียบสัดส่วนกับค่า b ตัวที่มีค่าต่ำสุด ทำนองเดียวกับการศึกษาของ Tumwasorn(1987)

$$\frac{Y - \bar{Y}}{S_Y} = b_0 + b_1 \frac{(X_1 - \bar{X}_1)}{S_1} + b_2 \frac{(X_2 - \bar{X}_2)}{S_2} + b_3 \frac{(X_3 - \bar{X}_3)}{S_3} + e \dots\dots (1)$$

- เมื่อ Y, \bar{Y} = รายได้และรายได้เฉลี่ยของการจำหน่ายผลผลิต
 X_i, \bar{X}_i = ค่าที่วัดได้ และ ค่าเฉลี่ยที่ได้จากลักษณะที่ i ($i = 1, 2, \dots n$)
 S_Y, S_i = ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของรายได้ และ ค่าที่วัดได้ของลักษณะน้ำหนักที่ i
 b_0 = จุดตัดแกน Y (Y intercept)
 b_i = สัมประสิทธิ์ถดถอยเชิงส่วน ของลักษณะที่ i
 (partial regression coefficient)
 e = ความคลาดเคลื่อน (error)

ค่าเศรษฐกิจสัมพัทธ์ (a_i) คำนวณได้จากการนำค่าสัมประสิทธิ์ b_i มาปรับอีกครั้งโดยเทียบสัดส่วนระหว่างสัมประสิทธิ์แต่ละลักษณะกับสัมประสิทธิ์ที่มีค่าน้อยสุด ผลลัพธ์ที่ได้จะเป็นค่าเศรษฐกิจสัมพัทธ์ ของแต่ละลักษณะ ซึ่งแสดงเป็นสัดส่วนได้ดังนี้

$$a_i = \frac{b_i}{b_{\min}}$$

- เมื่อ
 a_i = ค่าเศรษฐกิจสัมพัทธ์ของลักษณะที่ i
 b_i = สัมประสิทธิ์ถดถอยของลักษณะที่ i
 b_{\min} = สัมประสิทธิ์ถดถอยที่มีค่าต่ำสุด

จากสมการดัชนีคัดเลือกแบบสมการปกติ(normal equation) เขียนให้อยู่ในรูปแมตริกซ์ได้ดังนี้

สมการปกติ

$$P\tilde{b} = G\tilde{a} \dots\dots\dots(3)$$

เมื่อ

- P = phenotypic variance and covariance matrix
 \tilde{b} = vector of weighting factor
 G = genotypic variance and covariance matrix
 \tilde{a} = vector of economic weights

จากสมการนี้(3) ส่วนประกอบสำคัญที่ต้องการหาผลลัพท์อยู่ที่ค่า \underline{b} ซึ่งเมตริกซ์ พี และเมตริกซ์ จี เป็นผลมาจากการวิเคราะห์ที่ในข้อ 3.2.1 และ 3.2.2 ส่วนค่าเศรษฐกิจสัมพันธ์(\underline{a})ตั้งได้อธิบายข้างต้น จากสมการปกติ(3)นี้สามารถคำนวณหาค่า \underline{b} โดยคูณ P^{-1} ทั้งสองข้างของสมการ จะได้

$$\underline{b} = P^{-1}Ga$$

$$\begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_{P1}^2 & \sigma_{P12} & \sigma_{P13} \\ \sigma_{P12} & \sigma_{P2}^2 & \sigma_{P23} \\ \sigma_{P13} & \sigma_{P23} & \sigma_{P3}^2 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} \sigma_{G1}^2 & \sigma_{G12} & \sigma_{G13} \\ \sigma_{G12} & \sigma_{G2}^2 & \sigma_{G23} \\ \sigma_{G13} & \sigma_{G23} & \sigma_{G3}^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \end{bmatrix}$$

เมื่อวิเคราะห์สมการข้างบนผลลัพท์คือ ค่าตัวปรับใน \underline{b} ค่า b แต่ละตัวที่ได้นำไปใช้แทนค่า b_i ที่กำหนดไว้ในโครงสร้างสมการดัชนีคัดเลือก ซึ่งมีรูปแบบดังนี้

$$I = b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_nX_n$$

เมื่อ

I = ดัชนีคัดเลือก

b_i = ค่าตัวปรับ (weighting factors) ลักษณะที่ i ($i = 1, 2, \dots, n$)

X_i = ค่าจากการวัดลักษณะปรากฏ ของลักษณะที่ i

ในตัวสัตว์ที่ต้องการคัดเลือก ($i = 1, 2, \dots, n$)

สหสัมพันธ์ระหว่างดัชนีคัดเลือกกับคุณค่าพันธุกรรมรวมที่แท้จริง

(Correlation Between the Selection Index and the True Additive Genetic Value, r_{η})

เมื่อใช้ดัชนีคัดเลือกประเมินคุณค่าพันธุกรรมรวมจากหลายลักษณะที่มีในดัชนี สำหรับสัตว์แต่ละตัวออกมาได้ ขณะเดียวกันหากต้องการทราบประสิทธิภาพของดัชนีคัดเลือกที่สร้างขึ้นนี้มีความแม่นยำเพียงใดสามารถประเมินได้โดยพิจารณาจากค่า r_{η} ซึ่งค่านี้บอกให้ทราบว่าค่าดัชนีคัดเลือกที่ได้มีสหสัมพันธ์กับคุณค่าพันธุกรรมรวมที่แท้จริงมากน้อยเพียงใด ซึ่งมีสูตรดังนี้

$$r_{\eta} = \sqrt{\frac{COV_{\eta} \cdot COV_{\eta}}{\sigma_r^2 \sigma_{\eta}^2}} = \sqrt{\frac{\sigma_{\eta}}{\sigma_r}} = \sqrt{\frac{\sigma_{\eta}^2}{\sigma_r^2}} \quad (\text{เพราะว่า } \sigma_{\eta}^2 = \sigma_{\eta})$$

เมื่อ

$$\sigma_r^2 = \underline{b}' P \underline{b}$$

\underline{b}' = ทรานสโพสท์เวคเตอร์ (transpose vector) หรือเวคเตอร์แนวนอนของค่าตัวปรับ

σ_r^2 = ความแปรปรวนของดัชนีคัดเลือก (variance of the index)

$$\sigma_T^2 = \underline{a}' G \underline{a}$$

\underline{a}' = ทรานสโพสท์เวคเตอร์ (transpose vector) หรือเวคเตอร์แนวนอนของคุณค่า
เศรษฐกิจสัมพันธ์ของลักษณะที่ทำการคัดเลือก

σ_T^2 = ความแปรปรวนของคุณค่าพันธุกรรมรวม (the true additive genetic value)

ค่าคาดการณ์การเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรม (Expected Genetic Change, ΔG)

ค่าคาดการณ์การเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมของลักษณะใดลักษณะหนึ่ง สามารถคำนวณ
ได้จาก (Cunningham, 1969)

$$\Delta G_i = 100 - \sqrt{\frac{b' P b - b_i^2 / W_{ii}}{b' P b}} \times 100$$

เมื่อ

ΔG_i = ค่าคาดการณ์การเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมของลักษณะที่ i ($i = 1, 2, 3, \dots, n$)

b_i = ค่าตัวปรับในดัชนีคัดเลือกของลักษณะที่ i ($i = 1, 2, 3, \dots, n$)

W_{ii} = ค่าของสมาชิกบนแนวเส้นทแยงในส่วนกลับแมตริกซ์พี (diagonal element of P^{-1})

$b' P b$ = ความแปรปรวนของดัชนีคัดเลือก (σ_T^2)

ศูนย์วิทยทรัพยากร
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย